

This Page Is Inserted by IFW Operations
and is not a part of the Official Record

BEST AVAILABLE IMAGES

Defective images within this document are accurate representations of the original documents submitted by the applicant.

Defects in the images may include (but are not limited to):

- BLACK BORDERS
- TEXT CUT OFF AT TOP, BOTTOM OR SIDES
- FADED TEXT
- ILLEGIBLE TEXT
- SKEWED/SLANTED IMAGES
- COLORED PHOTOS
- BLACK OR VERY BLACK AND WHITE DARK PHOTOS
- GRAY SCALE DOCUMENTS

IMAGES ARE BEST AVAILABLE COPY.

**As rescanning documents *will not* correct images,
please do not report the images to the
Image Problem Mailbox.**

PCT

WELTORGANISATION FÜR GEISTIGES EIGENTUM
Internationales Büro



INTERNATIONALE ANMELDUNG VERÖFFENTLICHT NACH DEM VERTRAG ÜBER DIE
INTERNATIONALE ZUSAMMENARBEIT AUF DEM GEBIET DES PATENTWESENS (PCT)

(51) Internationale Patentklassifikation 6 : C12N 15/12, C07K 14/435, C12N 15/63, 15/85, C07K 16/18, A61K 38/17, 48/00		A2	(11) Internationale Veröffentlichungsnummer: WO 99/55858
(21) Internationales Aktenzeichen: PCT/DE99/01258		(43) Internationales Veröffentlichungsdatum: 4. November 1999 (04.11.99)	
(22) Internationales Anmeldedatum: 19. April 1999 (19.04.99)		(81) Bestimmungsstaaten: JP, US, europäisches Patent (AT, BE, CH, CY, DE, DK, ES, FI, FR, GB, GR, IE, IT, LU, MC, NL, PT, SE).	
(30) Prioritätsdaten: 198 20 190.7 28. April 1998 (28.04.98) DE		Veröffentlicht <i>Ohne internationalen Recherchenbericht und erneut zu veröffentlichen nach Erhalt des Berichts.</i>	
(71) Anmelder (für alle Bestimmungsstaaten ausser US): METAGEN GESELLSCHAFT FÜR GENOMFORSCHUNG MBH [DE/DE]; Ihnestrasse 63, D-14195 Berlin (DE).			
(72) Erfinder; und			
(75) Erfinder/Anmelder (nur für US): SPECHT, Thomas [DE/DE]; Grabenstrasse 14, D-12209 Berlin (DE). HINZMANN, Bernd [DE/DE]; Parkstrasse 19, D-13127 Berlin (DE). SCHMITT, Armin [DE/DE]; Laubacher Strasse 6/II, D-14197 Berlin (DE). PILARSKY, Christian [DE/DE]; Heinrich-Lange-Strasse 13c, D-01474 Schönfeld-Weißig (DE). DAHL, Edgar [DE/DE]; Eleonore-Procheska-Strasse 6, D-14480 Potsdam (DE). ROSENTHAL, André [DE/DE]; Koppenplatz 10, D-10115 Berlin (DE).			

(54) Title: **HUMAN NUCLEIC ACID SEQUENCES OBTAINED FROM PANCREAS TUMOR TISSUE**

(54) Bezeichnung: **MENSCHLICHE NUKLEINSÄURESEQUENZEN AUS PANKREASTUMORGeweBE**

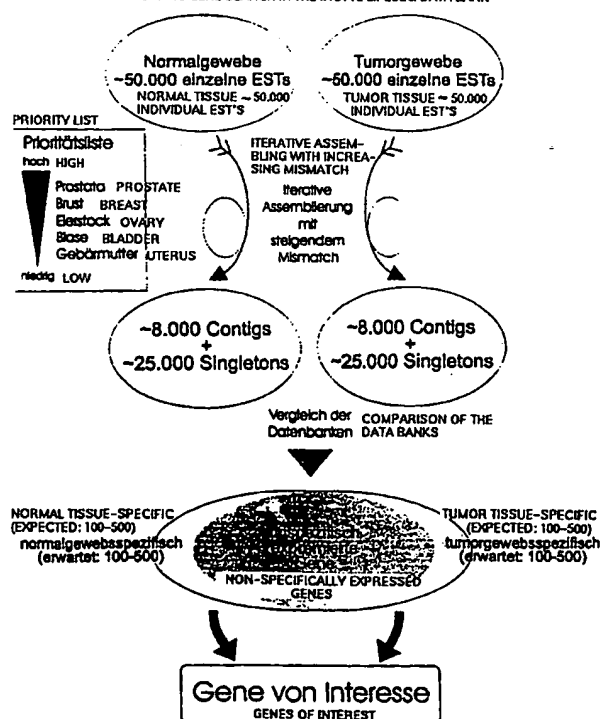
(57) Abstract

The invention relates to human nucleic acid sequences mRNA, cDNA, genomic sequences obtained from pancreas tumor tissue which code for the gene products or parts thereof, and to the utilization of said sequences. The invention also relates to polypeptides obtained via the sequences and to the utilization of said polypeptides.

(57) Zusammenfassung

Es werden menschliche Nukleinsäuresequenzen - mRNA, cDNA, genomische Sequenzen - aus Pankreastumorgewebe, die für Genprodukte oder Teile davon kodieren, und deren Verwendung beschrieben. Es werden weiterhin die über die Sequenzen erhältlichen Polypeptide und deren Verwendung beschrieben.

Systematische Gen-Suche in der Incyte LifeSeq Datenbank
SYSTEMATIC GENE SEARCH IN THE INCYTE LIFESEQ DATA BANK



LEDIGLICH ZUR INFORMATION

Codes zur Identifizierung von PCT-Vertragsstaaten auf den Kopfbögen der Schriften, die internationale Anmeldungen gemäss dem PCT veröffentlichen.

AL	Albanien	ES	Spanien	LS	Lesotho	SI	Slowenien
AM	Armenien	FI	Finnland	LT	Litauen	SK	Slowakei
AT	Österreich	FR	Frankreich	LU	Luxemburg	SN	Senegal
AU	Australien	GA	Gabun	LV	Lettland	SZ	Swasiland
AZ	Aserbaidschan	GB	Vereinigtes Königreich	MC	Monaco	TD	Tschad
BA	Bosnien-Herzegowina	GE	Georgien	MD	Republik Moldau	TG	Togo
BB	Barbados	GH	Ghana	MG	Madagaskar	TJ	Tadschikistan
BE	Belgien	GN	Guinea	MK	Die ehemalige jugoslawische Republik Mazedonien	TM	Turkmenistan
BF	Burkina Faso	GR	Griechenland	ML	Mali	TR	Türkei
BG	Bulgarien	HU	Ungarn	MN	Mongolei	TT	Trinidad und Tobago
BJ	Benin	IE	Irland	MR	Mauritanien	UA	Ukraine
BR	Brasilien	IL	Israel	MW	Malawi	UG	Uganda
BY	Belarus	IS	Island	MX	Mexiko	US	Vereinigte Staaten von Amerika
CA	Kanada	IT	Italien	NE	Niger	UZ	Usbekistan
CF	Zentralafrikanische Republik	JP	Japan	NL	Niederlande	VN	Vietnam
CG	Kongo	KE	Kenia	NO	Norwegen	YU	Jugoslawien
CH	Schweiz	KG	Kirgisistan	NZ	Neuseeland	ZW	Zimbabwe
CI	Côte d'Ivoire	KP	Demokratische Volksrepublik Korea	PL	Polen		
CM	Kamerun	KR	Republik Korea	PT	Portugal		
CN	China	KZ	Kasachstan	RO	Rumänien		
CU	Kuba	LC	St. Lucia	RU	Russische Föderation		
CZ	Tschechische Republik	LI	Liechtenstein	SD	Sudan		
DE	Deutschland	LK	Sri Lanka	SE	Schweden		
DK	Dänemark	LR	Liberia	SG	Singapur		
EE	Estland						

Menschlich Nukleinsäuresequenzen aus Pankreastumorgewebe

Die Erfindung betrifft menschliche Nukleinsäuresequenzen aus Pankreastumorgewebe, die für Genprodukte oder Teile davon kodieren, deren funktionale Gene, die mindestens ein biologisch aktives Polypeptid kodieren und deren Verwendung.

Die Erfindung betrifft weiterhin die über die Sequenzen erhältlichen Polypeptide und deren Verwendung.

Eine der Hauptkrebstodesursachen ist der Pankreastumor, für dessen Bekämpfung neue Therapien notwendig sind. Bisher verwendete Therapien, wie z.B. Chemotherapie, Hormontherapie oder chirurgische Entfernung des Tumorgewebes, führen häufig nicht zu einer vollständigen Heilung.

Das Phänomen Krebs geht häufig einher mit der Über- oder Unterexpression gewisser Gene in den entarteten Zellen, wobei noch unklar ist, ob diese veränderten Expressionsraten Ursache oder Folge der malignen Transformation sind. Die Identifikation solcher Gene wäre ein wesentlicher Schritt für die Entwicklung neuer Therapien gegen Krebs. Der spontanen Entstehung von Krebs geht häufig eine Vielzahl von Mutationen voraus. Diese können verschiedenste Auswirkungen auf das Expressionsmuster in dem betroffenen Gewebe haben, wie z.B. Unter- oder Überexpression, aber auch Expression verkürzter Gene. Mehrere solcher Veränderungen durch solche Mutationskaskaden können schließlich zu bösartigen Entartungen führen. Die Komplexität solcher Zusammenhänge erschwert die experimentelle Herangehensweise sehr.

Für die Suche nach Kandidatengen, d.h. Genen, die im Vergleich zum Tumorgewebe im normalen Gewebe stärker exprimiert werden, wird eine Datenbank verwendet, die aus sogenannten ESTs besteht. ESTs (Expressed Sequence Tags) sind Sequenzen von cDNAs, d.h. revers transkribierten mRNAs, den Molekülen also, die die Expression von Genen widerspiegeln. Die EST-Sequenzen werden für normale und entartete Gewebe ermittelt. Solche Datenbanken werden von verschiedenen Betreibern z.T. kommerziell angeboten. Die ESTs der LifeSeq-Datenbank, die hier verwendet wird, sind in der Regel zwischen 150 und 350 Nukleotide lang. Sie repräsentieren ein für ein bestimmtes Gen unverkennbares Muster, obwohl dieses Gen normalerweise sehr viel länger ist (> 2000 Nukleotide). Durch Vergleich der Expressionsmuster von normalen und Tumorgewebe können ESTs identifiziert werden, die für die Tumorentstehung und -proliferation wichtig sind. Es besteht jedoch folgendes Problem: Da durch unterschiedliche Konstruktionen der cDNA-Bibliotheken die gefundenen EST-Sequenzen zu unterschiedlichen Regionen eines unbekannten Gens gehören können, ergäbe sich in einem solchen Fall ein völlig falsches Verhältnis des Vorkommens dieser ESTs in dem jeweiligen Gewebe. Dieses würde erst bemerkt werden, wenn das vollständige Gen bekannt ist und somit die ESTs dem gleichen Gen zugeordnet werden können.

Es wurde nun gefunden, daß diese Fehlermöglichkeit verringert werden kann, wenn zuvor sämtliche ESTs aus dem jeweiligen Gewebetyp assembliert werden, bevor die Expressionsmuster miteinander verglichen werden. Es wurden also überlappende ESTs in und desselben Gens zu längeren Sequenzen zusammengefaßt (s. Fig. 1, Fig. 2a und Fig.3). Durch diese Verlängerung und damit Abdeckung eines wesentlich größeren Genbereichs in jeder der jeweiligen Banken sollte der oben beschriebene Fehler weitgehendst vermieden werden. Da es hierzu keine bestehenden

Softwareprodukte gab, wurden Programme für das Assemblieren von genomischen Abschnitten verwendet, die abgewandelt eingesetzt und durch eigene Programme ergänzt wurden. Ein Flowchart der Assemblierungsprozedur ist in Fig. 2b1 – 2b4 dargestellt.

5

Es konnten nun die Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No 1-157, 597-617 gefunden werden, die als Kandidatengene beim Pankreastumor eine Rolle spielen.

10 Von besonderem Interesse sind die Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No 1-88, 90-96, 98-120, 123-140, 142-144, 597-617.

Die Erfindung betrifft somit Nukleinsäure-Sequenzen, die ein Genprodukt oder ein Teil davon kodieren, umfassend

15

a) eine Nukleinsäure-Sequenz, ausgewählt aus der Gruppe der Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No 1-88, 90-96, 98-120, 123-140, 142-144, 597-617.

20

b) eine allelische Variation der unter a) genannten Nukleinsäure-Sequenzen

oder

25

c) eine Nukleinsäure-Sequenz, die komplementär zu den unter a) oder b) genannten Nukleinsäure-Sequenzen ist.

30 Die Erfindung betrifft weiterhin eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß einer der Sequenzen Seq. ID No 1-88, 90-96, 98-120, 123-140, 142-144, 597-617 oder eine komplementäre oder allelische Variante davon und die Nukleinsäure-Sequenzen davon, die eine 90%ige bis 95% ige Homologie zu einer humanen Nukleinsäure-Sequenz aufweisen.

35

Die Erfindung betrifft auch die Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No 1-157, 597-617, die im Pankreastumorgewebe erhöht exprimiert sind.

40 Die Erfindung betrifft ferner Nukleinsäure-Sequenzen, umfassend einen Teil der oben genannten Nukleinsäure-Sequenzen, in solch einer ausreichenden Größe, daß sie mit den Sequenzen Seq. ID No 1-157, 597-617 hybridisieren.

Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen weisen im allgemeinen eine Länge von mindestens 50 bis 4500 bp, vorzugsweise eine Länge von mindestens 45 150 bis 4000 bp, insbesondere eine Länge von 450 bis 3500 bp auf.

Mit den erfindungsgemäßen Teilsequenzen Seq. ID No 1-157, 597-617 können gemäß gängiger Verfahrenspraxis auch Expressionskassetten konstruiert werden, wobei auf der Kassette mindestens eine der erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen zusammen mit mindestens einer dem Fachmann allgemein bekannten 50 Kontroll- oder regulatorischen Sequenz, wie z. B. ein m geeigneten Promotor,

kombiniert wird. Die erfindungsgemäßen Sequenzen können in sense oder antisense Orientierung eingefügt sein.

5 In der Literatur sind ist eine große Anzahl von Expressionskassetten bzw. Vektoren und Promotoren bekannt, die verwendet werden können.

Unter Expressionskassetten bzw. Vektoren sind zu verstehen: 1. bakterielle, wie z. B., phagescript, pBs, ϕ X174, pBluescript SK, pBs KS, pNH8a, pNH16a, pNH18a, pNH46a (Stratagene), pTrc99A, pKK223-3, pKK233-3, pDR540, pRIT5 (Pharmacia),
10 2. eukaryontische, wie z. B. pWLneo, pSV2cat, pOG44, pXT1, pSG (Stratagene), pSVK3, pBPV, pMSG, pSVL (Pharmacia).

Unter Kontroll- oder regulatorischer Sequenz sind geeignete Promotoren zu verstehen. Hierbei sind zwei bevorzugte Vektoren der pKK232-8 und der PCM7
15 Vektor. Im einzelnen sind folgende Promotoren gemeint: lacI, lacZ, T3, T7, gpt, lambda P_R, trc, CMV, HSV Thymidin-Kinase, SV40, LTRs aus Retrovirus und Maus Metallothionein-I.

Die auf der Expressionskassette befindlichen DNA-Sequenzen können ein
20 Fusionsprotein kodieren, das ein bekanntes Protein und ein biologisch aktives Polypeptid-Fragment umfaßt.

Die Expressionskassetten sind ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

25 Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Fragmente können zur Herstellung von Vollängen-Genen verwendet werden. Die erhältlichen Gene sind ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

Die Erfindung betrifft auch die Verwendung der erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen, sowie die aus der Verwendung erhältlichen Gen-Fragmente.
30

Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen können mit geeigneten Vektoren in Wirtszellen gebracht werden, in denen als heterologer Teil die auf den Nukleinsäure-Fragmenten enthaltene genetischen Information befindet, die
35 exprimiert wird.

Die die Nukleinsäure-Fragmente enthaltenden Wirtszellen sind ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

40 Geeignete Wirtszellen sind z. B. prokaryontische Zellsysteme wie E. coli oder eukaryontische Zellsysteme wie tierische oder humane Zellen oder Hefen.

Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen können in sense oder antisense Form verwendet werden.
45

Die Herstellung der Polypeptide oder deren Fragment erfolgt durch Kultivierung der Wirtszellen gemäß gängiger Kultivierungsmethoden und anschließender Isolierung und Aufreinigung der Peptide bzw. Fragmente, ebenfalls mittels gängiger Verfahren. Die Erfindung betrifft ferner Nukleinsäure-Sequenzen, die mindestens eine
50 Teilsequenz ines biologisch aktiven Polypeptids kodieren.

Ferner betrifft die vorliegende Erfindung Polypeptid-Teilsequenzen, sogenannte ORF (open-reading-frame)-Peptide, gemäß den Sequenzprotokollen Seq. ID No 158-596, 618-659.

- 5 Die Erfindung betrifft ferner die Polypeptid-Sequenzen, die mindestens eine 80%ige Homologie, insbesondere eine 90%ige Homologie zu den erfindungsgemäßen Polypeptid-Teilsequenzen der Seq. ID No 158-596, 618-659 aufweisen.

- 10 Die Erfindung betrifft auch Antikörper, die gegen ein Polypeptid oder Fragment davon gerichtete sind, welche von den erfindungsgemäßen Nukleinsäuren der Sequenzen Seq. ID No 1-157, 597-617 kodiert werden.

Unter Antikörper sind insbesondere monoklonale Antikörper zu verstehen.

- 15 Die erfindungsgemäßen Antikörper können u.a. durch ein Phage Display Verfahren identifiziert werden. Auch diese Antikörper sind Gegenstand der Erfindung.

- 20 Die erfindungsgemäßen Polypeptid-Teilsequenzen können in einem Phage Display Verfahren verwendet werden. Die mit diesem Verfahren identifizierten Polypeptide, die an die erfindungsgemäßen Polypeptid-Teilsequenzen binden, sind auch Gegenstand der Erfindung.

- 25 Ebenso können die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen in einem Phage Display Verfahren verwendet werden.

- Die erfindungsgemäßen Polypeptide der Sequenzen Seq. ID No 158-596, 618-659 können auch als Tool zum Auffinden von Wirkstoffen gegen den Pankreastumor verwendet werden, was ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung ist.

- 30 Ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung ist die Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß den Sequenzen Seq. ID No 1-157, 597-617 zur Expression von Polypeptiden, die als Tools zum Auffinden von Wirkstoffen gegen den Pankreastumor verwendet werden können.

- 35 Die Erfindung betrifft auch die Verwendung der gefundenen Polypeptid-Teilsequenzen Seq. ID No 158-596, 618-659 als Arzneimittel in der Gentherapie zur Behandlung gegen den Pankreastumor, bzw. zur Herstellung eines Arzneimittels zur Behandlung gegen den Pankreastumor.

- 40 Die Erfindung betrifft auch Arzneimittel, die mindestens eine Polypeptid-Teilsequenz Seq. ID No 158-596, 618-659 enthalten.

- Die gefundenen erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen können auch genomische oder mRNA-Sequenzen sein.

- 45 Die Erfindung betrifft auch genomische Gene, ihre Exon- und Intronstruktur und deren Spleißvarianten, erhältlich aus den cDNAs der Sequenzen Seq. ID No 1-157, 597-617, sowie deren Verwendung zusammen mit geeigneten regulativen Elementen, wie geeigneten Promotoren und/ oder Enhancern.

Mit den erfindungsgemäßen Nukleinsäuren (cDNA-Sequenzen) Seq. ID No 1-157, 597-617 werden genomische BAC-, PAC- und Cosmid-Bibliotheken gescreent und über komplementäre Basenpaarung (Hybridisierung) spezifisch humane Klone isoliert. Die so isolierten BAC-, PAC- und Cosmid-Klone werden mit Hilfe der
5 Fluoreszenz-in-situ-Hybridisation auf Metaphasenchromosomen hybridisiert und entsprechende Chromosomenabschnitte identifiziert, auf denen die entsprechenden genomischen Gene liegen. BAC-, PAC- und Cosmid-Klone werden sequenziert, um die entsprechenden genomischen Gene in ihrer vollständigen Struktur (Promotoren, Enhancer, Silencer, Exons und Introns) aufzuklären. BAC-, PAC- und Cosmid-Klone
10 können als eigenständige Moleküle für den Gentransfer eingesetzt werden (s. Fig. 5).

Die Erfindung betrifft auch BAC-, PAC- und Cosmid-Klone, enthaltend funktionelle Gene und ihre chromosomale Lokalisation, entsprechend den Sequenzen Seq. ID No 1-157, 597-617, zur Verwendung als Vehikel zum Gentransfer.

15

Bedeutung von Fachbegriffen und Abkürzungen

5	Nukleinsäuren=	Unter Nukleinsäuren sind in der vorliegenden Erfindung zu verstehen: mRNA, partielle cDNA, vollständige cDNA und genomische Gene (Chromosomen).
	ORF =	Open Reading Frame, eine definierte Abfolge von Aminosäuren, die von der cDNA-Sequenz abgeleitet werden kann.
10	Contig =	eine Menge von DNA-Sequenzen, die aufgrund sehr großer Ähnlichkeiten zu einer Sequenz zusammengefaßt werden können (Consensus)
	Singleton=	ein Contig, der nur eine Sequenz enthält
15	Modul =	Domäne eines Proteins mit einer definierten Sequenz, die eine strukturelle Einheit darstellt und in unterschiedlichen Proteinen vorkommt
20	N =	wahlweise das Nukleotid A, T, G oder C
	X =	wahlweise eine der 20 natürlich vorkommenden Aminosäuren

Erklärung zu den Alignmentparametern

	minimal initial match=	minimaler anfänglicher Identitätsbereich
	maximum pads per read=	maximale Anzahl von Insertionen
30	maximum percent mismatch=	maximale Abweichung in %

Erklärung der Abbildungen

35	Fig. 1	zeigt die systematische Gen-Suche in der Incyte LifeSeq Datenbank.
	Fig. 2a	zeigt das Prinzip der EST-Assemblierung
40	Fig. 2b1-2b4	zeigt das gesamte Prinzip der EST-Assemblierung
	Fig. 3	zeigt die in silico Subtraktion der Genexpression in verschiedenen Geweben
45	Fig. 4a	zeigt die Bestimmung der gewebsspezifischen Expression über elektronischen Northern.
	Fig. 4b	zeigt den elektronischen Northern
50	Fig. 5	zeigt die Isolierung von genomischen BAC- und PAC-Klonen.

Die nachfolgenden Beispiele erläutern die Herstellung der erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen, ohne die Erfindung auf diese Beispiele und Nukleinsäure-Sequenzen zu beschränken.

5

Beispiel 1

Suche nach Tumor-bezogenen Kandidatengen

10

Zuerst wurden sämtliche ESTs des entsprechenden Gewebes aus der LifeSeq-Datenbank (vom Oktober 1997) extrahiert. Diese wurden dann mittels des Programms GAP4 des Staden-Pakets mit den Parametern 0% mismatch, 8 pads per read und einem minimalen match von 20 assembliert. Die nicht in die GAP4-Datenbank aufgenommenen Sequenzen (Fails) wurden erst bei 1% mismatch und dann nochmals bei 2% mismatch mit der Datenbank assembliert. Aus den Contigs der Datenbank, die aus mehr als einer Sequenz bestanden, wurden Consensussequenzen errechnet. Die Singletons der Datenbank, die nur aus einer Sequenz bestanden, wurden mit den nicht in die GAP4-Datenbank aufgenommenen Sequenzen bei 2% mismatch erneut assembliert. Wiederum wurden für die Contigs die Consensussequenzen ermittelt. Alle übrigen ESTs wurden bei 4% mismatch erneut assembliert. Die Consensussequenzen wurden abermals extrahiert und mit den vorherigen Consensussequenzen sowie den Singletons und den nicht in die Datenbank aufgenommenen Sequenzen abschließend bei 4% mismatch assembliert. Die Consensussequenzen wurden gebildet und mit den Singletons und Fails als Ausgangsbasis für die Gewebsvergleiche verwendet. Durch diese Prozedur konnte sichergestellt werden, daß unter den verwendeten Parametern sämtliche Sequenzen von einander unabhängige Genbereiche darstellten.

30 Fig. 2b1-2b4 veranschaulicht die Verlängerung der Pankreasgewebs ESTs.

Die so assemblierten Sequenzen der jeweiligen Gewebe wurden anschließend mittels des gleichen Programms miteinander verglichen (Fig. 3). Hierzu wurden erst alle Sequenzen des ersten Gewebes in die Datenbank eingegeben. (Daher war es wichtig, daß diese voneinander unabhängig waren.)

Dann wurden alle Sequenzen des zweiten Gewebes mit allen des ersten verglichen. Das Ergebnis waren Sequenzen, die für das erste bzw. das zweite Gewebe spezifisch waren, sowie welche, die in beiden vorkamen. Bei Letzteren wurde das Verhältnis der Häufigkeit des Vorkommens in den jeweiligen Geweben ausgewertet. Sämtliche, die Auswertung der assemblierten Sequenzen betreffenden Programme, wurden selbst entwickelt.

Alle Sequenzen, die mehr als viermal in jeweils einem der verglichenen Gewebe vorkamen, sowie alle, die mindestens fünfmal so häufig in einem der beiden Gewebe vorkamen wurden weiter untersucht. Diese Sequenzen wurden einem elektronischen Northern (s. Beispiel 2.1) unterzogen, wodurch die Verteilung in sämtlichen Tumor- und Normal-Geweben untersucht wurde (s. Fig. 4a und Fig. 4b). Die relevanten Kandidaten wurden dann mit Hilfe sämtlicher Incyte ESTs und allen ESTs öffentlicher Datenbanken verlängert (s. Beispiel 3). Anschließend wurden die Sequenzen und ihre Übersetzung in mögliche Proteine mit allen Nukleotid- und Proteindatenbanken verglichen, sowie auf mögliche, für Proteine kodierende Regionen untersucht.

50

Beispiel 2

Algorithmus zur Identifikation und Verlängerung von partiellen cDNA-Sequenzen mit verändertem Expressionsmuster

Im folgenden soll ein Algorithmus zur Auffindung über- oder unterexprimierter Gene erläutert werden. Die einzelnen Schritte sind der besseren Übersicht halber auch in einem Flußdiagramm zusammengefaßt (s. Fig. 4b).

2.1 Elektronischer Northern-Blot

Zu einer partiellen DNA-Sequenz S, z. B. einem einzelnen EST oder einem Contig von ESTs, werden mittels eines Standardprogramms zur Homologiesuche, z. B. BLAST (Altschul, S. F., Gish W., Miller, W., Myers, E. W. und Lipman, D. J. (1990) *J. Mol. Biol.*, **215**, 403-410), BLAST2 (Altschul, S. F., Madden, T. L., Schäffer, A. A., Zhang, J., Zhang, Z., Miller, W. und Lipman, D. J. (1997) *Nucleic Acids Research* **25** 3389-3402) oder FASTA (Pearson, W. R. und Lipman, D. J. (1988) *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* **85** 2444-2448), die homologen Sequenzen in verschiedenen nach Geweben geordneten (privaten oder öffentlichen) EST-Bibliotheken bestimmt. Die dadurch ermittelten (relativen oder absoluten) Gewebe-spezifischen Vorkommenshäufigkeiten dieser Partial-Sequenz S werden als elektronischer Northern-Blot bezeichnet.

2.1.1

Analog der unter 2.1 beschriebenen Verfahrensweise wurde die Sequenz Seq. ID No. 17 gefunden, die 13,3 .x stärker im normalen Pankreastumorgewebe als im normalem Pankreasgewebe vorkommt.

Das Ergebnis ist wie folgt:

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 17

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0013	0.0038	0.3403	2.9389
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0010	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0017	0.0221	0.0748	13.3713
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000		undef	undef
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

35		FOETUS	
		%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0000	
	Gastrointestinal	0.0000	
	Gehirn	0.0000	
40	Haematopoetisch	0.0000	
	Haut	0.0000	
	Hepatisch	0.0000	
	Herz-Blutgefuesse	0.0000	
	Lunge	0.0000	
45	Nebenniere	0.0000	
	Niere	0.0000	
	Placenta	0.0000	
	Prostata	0.0000	
50	Sinnesorgane	0.0000	

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
		%Haeufigkeit	
	Brust	0.0000	
55	Eierstock_n	0.0000	
	Eierstock_t	0.0000	
	Endokrines_Gewebe	0.0000	
	Foetal	0.0012	
	Gastrointestinal	0.0000	
60	Haematopoetisch	0.0114	
	Haut-Muskel	0.0032	
	Hoden	0.0000	
	Lunge	0.0000	
	Nerven	0.0010	
65	Prostata	0.0000	
	Sinnesorgane	0.0000	
	Uterus_n	0.0000	

In analoger Verfahrensweise wurden auch folgende Northern gefunden:

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 1

5		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
	Blase	0.0117	0.0026	4.5763	0.2185
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Eierstock	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0007	0.0010	0.7200	1.3890
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000
15	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0031	0.0000	undef	0.0000
20	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
30	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
35	Zervix	0.0000			
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
40	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0079			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
45	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0000			
50	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
55	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
60	Foetal	0.0006			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
65	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 2

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0019	0.0000	undef
	Duennndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0030	0.0026	1.1513	0.8686
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0025	0.0000	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0007	0.0021	0.3600	2.7779
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0064	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0041	0.0000	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0035			
	Zervix	0.0000			

35		FOETUS	
		%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0000	
	Gastrointestinal	0.0028	
	Gehirn	0.0000	
40	Haematopoetisch	0.0000	
	Haut	0.0000	
	Hepatisch	0.0000	
	Herz-Blutgefuesse	0.0000	
	Lunge	0.0000	
45	Nebenniere	0.0254	
	Niere	0.0000	
	Placenta	0.0000	
	Prostata	0.0000	
50	Sinnesorgane	0.0000	

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
		%Haeufigkeit	
	Brust	0.0000	
55	Eierstock_n	0.0000	
	Eierstock_t	0.0000	
	Endokrines_Gewebe	0.0000	
	Foetal	0.0029	
	Gastrointestinal	0.0000	
60	Haematopoetisch	0.0000	
	Haut-Muskel	0.0000	
	Hoden	0.0000	
	Lunge	0.0000	
	Nerven	0.0000	
65	Prostata	0.0000	
	Sinnesorgane	0.0000	
	Uterus_n	0.0000	

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 3

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0221	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
30	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0087			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
40	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
45	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
50	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
55	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
60	Eierstock_t	0.0101			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0012			
	Gastrointestinal	0.0000			
65	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0032			
	Hoden	0.0154			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 4

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0117	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0038	0.0019	2.0416	0.4898
	Duenndarm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0052	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0115	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0184	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0010	0.0020	0.5080	1.9684
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0221	0.0000	undef
	Penis	0.0150	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0087	0.0021	4.0945	0.2442
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0213			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0029			
	Gastrointestinal	0.0122			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0020			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0125			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 5

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0312	0.0256	1.2204	0.8194
	Brust	0.0371	0.0282	1.3157	0.7601
	Duennndarm	0.0368	0.0662	0.5561	1.7982
	Eierstock	0.0240	0.0494	0.4847	2.0630
	Endokrines_Gewebe	0.0324	0.0476	0.6792	1.4722
10	Gastrointestinal	0.0345	0.0694	0.4970	2.0121
	Gehirn	0.0333	0.0308	1.0799	0.9260
	Haematopoetisch	0.0388	0.1136	0.3411	2.9315
	Haut	0.0110	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0285	0.0065	4.4118	0.2267
15	Herz	0.0413	0.0137	3.0068	0.3326
	Hoden	0.0288	0.0234	1.2299	0.8130
	Lunge	0.0249	0.0286	0.8709	1.1482
	Magen-Speiseroehre	0.0290	0.0307	0.9454	1.0578
	Muskel-Skelett	0.0171	0.0120	1.4278	0.7004
20	Niere	0.0217	0.0479	0.4532	2.2067
	Pankreas	0.0132	0.0552	0.2393	4.1785
	Penis	0.0479	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0196	0.0192	1.0236	0.9769
	Uterus_Endometrium	0.0473	0.0528	0.8962	1.1158
25	Uterus_Myometrium	0.0457	0.0611	0.7482	1.3366
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0448			
	Prostata-Hyperplasie	0.0208			
	Samenblase	0.0178			
30	Sinnesorgane	0.0353			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0434			
	Zervix	0.0532			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.1809			
	Gastrointestinal	0.0361			
	Gehirn	0.0125			
40	Haematopoetisch	0.0433			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0260			
	Herz-Blutgefuesse	0.0640			
	Lunge	0.0361			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0371			
	Placenta	0.0121			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0377			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0204			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0101			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0128			
	Gastrointestinal	0.0122			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0356			
	Hoden	0.0077			
	Lunge	0.0246			
	Nerven	0.0050			
65	Prostata	0.0410			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0250			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 6

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0077	0.5085	1.9666
	Brust	0.0179	0.0056	3.1758	0.3149
	Duenn darm	0.0123	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0030	0.0182	0.1645	6.0803
	Endokrines_Gewebe	0.0153	0.0050	3.0566	0.3272
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0046	0.0000	undef
	Gehirn	0.0022	0.0010	2.1599	0.4630
	Haematopoetisch	0.0120	0.0379	0.3176	3.1487
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0093	0.0061	1.5241	0.6561
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0069	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0054	0.0068	0.7930	1.2610
	Pankreas	0.0017	0.0166	0.0997	10.0285
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0087	0.0021	4.0945	0.2442
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0087			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0126			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0136			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0152			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0052			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0032			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0020			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0291			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 7

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase 0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust 0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm 0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock 0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe 0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal 0.0000	0.0046	0.0000	undef
	Gehirn 0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch 0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut 0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz 0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden 0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge 0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre 0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett 0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere 0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas 0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis 0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata 0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium 0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium 0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein 0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie 0.0000			
	Prostata-Hyperplasie 0.0000			
	Samenblase 0.0000			
30	Sinnesorgane 0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0017			
	Zervix 0.0000			
35	FOETUS			
	%Haeufigkeit			
	Entwicklung 0.0000			
	Gastrointestinal 0.0000			
	Gehirn 0.0000			
40	Haematopoetisch 0.0000			
	Haut 0.0000			
	Hepatisch 0.0000			
	Herz-Blutgefuesse 0.0000			
	Lunge 0.0000			
45	Nebenniere 0.0000			
	Niere 0.0000			
	Placenta 0.0000			
	Prostata 0.0000			
50	Sinnesorgane 0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
	%Haeufigkeit			
	Brust 0.0068			
55	Eierstock_n 0.0000			
	Eierstock_t 0.0000			
	Endokrines_Gewebe 0.0000			
	Foetal 0.0006			
	Gastrointestinal 0.0000			
60	Haematopoetisch 0.0057			
	Haut-Muskel 0.0000			
	Hoden 0.0000			
	Lunge 0.0000			
	Nerven 0.0000			
65	Prostata 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0000			
	Uterus_n 0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 8

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0117	0.0026	4.5763	0.2185
	Brust	0.0090	0.0207	0.4331	2.3091
	Duennndarm	0.0245	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0180	0.0963	0.1867	5.3565
	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0881	0.0694	1.2701	0.7873
	Gehirn	0.0000	0.0010	0.0000	undef
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0453	0.0000	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0125	0.0123	1.0161	0.9842
	Magen-Speiserohre	0.0387	0.0077	5.0421	0.1983
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0087	0.0511	0.1706	5.8615
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0288			
	Prostata-Hyperplasie	0.0416			
	Samenblase	0.1157			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0213			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0250			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0108			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0253			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0023			
	Gastrointestinal	0.0244			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0154			
	Lunge	0.0246			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0205			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 9

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase 0.0273	0.0153	1.7797	0.5619
	Brust 0.0077	0.0169	0.4537	2.2042
	Duenndarm 0.0123	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock 0.0060	0.0156	0.3838	2.6058
	Endokrines_Gewebe 0.0255	0.0376	0.6792	1.4722
10	Gastrointestinal 0.0211	0.0046	4.5559	0.2195
	Gehirn 0.0111	0.0246	0.4500	2.2223
	Haematopoetisch 0.0147	0.0000	undef	0.0000
	Haut 0.0147	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch 0.0143	0.0129	1.1029	0.9067
15	Herz 0.0223	0.0137	1.6190	0.6176
	Hoden 0.0058	0.0351	0.1640	6.0979
	Lunge 0.0187	0.0225	0.8313	1.2029
	Magen-Speiserohre 0.0290	0.0153	1.8908	0.5289
	Muskel-Skelett 0.0257	0.0180	1.4278	0.7004
20	Niere 0.0081	0.0205	0.3965	2.5219
	Pankreas 0.0050	0.0331	0.1496	6.6857
	Penis 0.0120	0.0000	undef	0.0000
	Prostata 0.0305	0.0170	1.7913	0.5582
	Uterus_Endometrium 0.0135	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium 0.0457	0.0204	2.2445	0.4455
	Uterus_allgemein 0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie 0.0096			
	Prostata-Hyperplasie 0.0268			
	Samenblase 0.0267			
30	Sinnesorgane 0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0121			
	Zervix 0.0213			
35	FOETUS			
	%Haeufigkeit			
	Entwicklung 0.0000			
	Gastrointestinal 0.0139			
	Gehirn 0.0063			
40	Haematopoetisch 0.0157			
	Haut 0.0000			
	Hepatisch 0.0000			
	Herz-Blutgefuesse 0.0036			
	Lunge 0.0108			
45	Nebenniere 0.0000			
	Niere 0.0062			
	Placenta 0.0182			
	Prostata 0.0499			
50	Sinnesorgane 0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
	%Haeufigkeit			
	Brust 0.0204			
55	Eierstock_n 0.0000			
	Eierstock_t 0.0304			
	Endokrines_Gewebe 0.0245			
	Foetal 0.0047			
	Gastrointestinal 0.0122			
60	Haematopoetisch 0.0000			
	Haut-Muskel 0.0032			
	Hoden 0.0000			
	Lunge 0.0000			
	Nerven 0.0110			
65	Prostata 0.0068			
	Sinnesorgane 0.0077			
	Uterus_n 0.0042			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 10

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0102	0.3814	2.6222
	Brust	0.0064	0.0094	0.6805	1.4694
	Duennndarm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0060	0.0052	1.1513	0.8686
	Endokrines_Gewebe	0.0085	0.0025	3.3962	0.2944
10	Gastrointestinal	0.0096	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0007	0.0041	0.1800	5.5559
	Haematopoetisch	0.0027	0.0758	0.0353	28.3379
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
15	Herz	0.0074	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0031	0.0102	0.3048	3.2806
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0054	0.0137	0.3965	2.5219
	Pankreas	0.0017	0.0166	0.0997	10.0285
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0109	0.0043	2.5591	0.3908
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0089			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0052			
	Zervix	0.0106			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0063			
40	Haematopoetisch	0.0079			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0126			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0047			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0114			
	Haut-Muskel	0.0032			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0164			
	Nerven	0.0080			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 11

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0051	0.0000	undef
	Brust	0.0026	0.0056	0.4537	2.2042
	Duenndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0090	0.0104	0.8634	1.1582
	Endokrines_Gewebe	0.0051	0.0025	2.0377	0.4907
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0046	0.0000	undef
	Gehirn	0.0022	0.0031	0.7200	1.3890
	Haematopoetisch	0.0053	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
15	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0021	0.0020	1.0161	0.9842
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0077	1.2605	0.7933
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0054	0.0068	0.7930	1.2610
	Pankreas	0.0017	0.0166	0.0997	10.0285
	Penis	0.0000	0.0267	0.0000	undef
	Prostata	0.0044	0.0085	0.5118	1.9538
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0119			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0056			
	Gehirn	0.0063			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0072			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0304			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0029			
	Gastrointestinal	0.0122			
60	Haematopoetisch	0.0228			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0154			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0050			
65	Prostata	0.0137			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 12

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0156	0.0077	2.0339	0.4917
	Brust	0.0090	0.0056	1.5879	0.6298
	Duennndarm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0030	0.0052	0.5756	1.7372
10	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0125	0.2717	3.6805
	Gastrointestinal	0.0038	0.0046	0.8283	1.2072
	Gehirn	0.0052	0.0092	0.5600	1.7858
	Haematopoetisch	0.0067	0.0000	undef	0.0000
15	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0011	0.0137	0.0771	12.9706
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
20	Lunge	0.0021	0.0020	1.0161	0.9842
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0109	0.0137	0.7930	1.2610
25	Pankreas	0.0017	0.0166	0.0997	10.0285
	Penis	0.0060	0.0267	0.2246	4.4517
	Prostata	0.0022	0.0043	0.5118	1.9538
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
30	Uterus_Myometrium	0.0152	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
35	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0043			
	Zervix	0.0106			

35	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0056
40	Gehirn	0.0125
	Haematopoetisch	0.0118
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
45	Herz-Blutgefuesse	0.0107
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0062
50	Placenta	0.0121
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

55	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
60	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
65	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
70	Nerven	0.0020
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0000

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 13

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase 0.0000	0.0051	0.0000	undef
	Brust 0.0051	0.0113	0.4537	2.2042
	Duennndarm 0.0215	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock 0.0030	0.0026	1.1513	0.8686
	Endokrines_Gewebe 0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal 0.0077	0.0093	0.8283	1.2072
	Gehirn 0.0022	0.0041	0.5400	1.8520
	Haematopoetisch 0.0067	0.0000	undef	0.0000
	Haut 0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch 0.0048	0.0388	0.1225	8.1599
15	Herz 0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Hoden 0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge 0.0052	0.0123	0.4234	2.3620
	Magen-Speiserohre 0.0000	0.0307	0.0000	undef
	Muskel-Skelett 0.0069	0.0000	undef	0.0000
20	Niere 0.0163	0.0137	1.1896	0.8406
	Pankreas 0.0017	0.0166	0.0997	10.0285
	Penis 0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata 0.0087	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium 0.0135	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium 0.0152	0.0068	2.2445	0.4455
	Uterus_allgemein 0.0102	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie 0.0064			
	Prostata-Hyperplasie 0.0059			
	Samenblase 0.0000			
30	Sinnesorgane 0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0043			
	Zervix 0.0213			
35	FOETUS			
	%Haeufigkeit			
	Entwicklung 0.0000			
	Gastrointestinal 0.0083			
	Gehirn 0.0000			
40	Haematopoetisch 0.0079			
	Haut 0.0000			
	Hepatisch 0.0000			
	Herz-Blutgefuesse 0.0000			
	Lunge 0.0072			
45	Nebenniere 0.0000			
	Niere 0.0000			
	Placenta 0.0061			
	Prostata 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0000			
50				
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
	%Haeufigkeit			
	Brust 0.0068			
55	Eierstock_n 0.0000			
	Eierstock_t 0.0203			
	Endokrines_Gewebe 0.0245			
	Foetal 0.0000			
	Gastrointestinal 0.0122			
60	Haematopoetisch 0.0114			
	Haut-Muskel 0.0032			
	Hoden 0.0000			
	Lunge 0.0082			
	Nerven 0.0090			
65	Prostata 0.0068			
	Sinnesorgane 0.0000			
	Uterus_n 0.0083			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 14

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust	0.0026	0.0000	undef	0.0000
	Duennndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0090	0.0026	3.4538	0.2895
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0044	0.0031	1.4399	0.6945
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000
	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef
20	Lunge	0.0062	0.0041	1.5241	0.6561
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Pankreas	0.0017	0.0166	0.0997	10.0285
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
30	Uterus_Myometrium	0.0152	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0153	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
35	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026			
	Zervix	0.0000			
40	FOETUS				
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0056			
45	Gehirn	0.0063			
	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
50	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
55	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
60	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0204			
	Eierstock_n	0.0000			
65	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0041			
	Gastrointestinal	0.0000			
70	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0065			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
75	Nerven	0.0020			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 15

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0078	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0038	0.0038	1.0208	0.9796
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0025	0.6792	1.4722
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0044	0.0113	0.3927	2.5464
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000
	Herz	0.0021	0.0137	0.1542	6.4853
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Lunge	0.0010	0.0020	0.5080	1.9684
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0120	0.0000	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0128	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
30	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata-Hyperplasie	0.0059	0.0000	undef	undef
35	Samenblase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Sinnesorgane	0.0000	0.0000	undef	undef
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000	0.0000	undef	undef
	Zervix	0.0000	0.0000	undef	undef
40	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0139	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
45	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0157	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
50	Herz-Blutgefuesse	0.0036	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Nebenniere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
55	Placenta	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0249	0.0000	undef	undef
	Sinnesorgane	0.0000	0.0000	undef	undef
60	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0068	0.0000	undef	undef
	Eierstock_n	0.0000	0.0000	undef	undef
65	Eierstock_t	0.0152	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Foetal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
70	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut-Muskel	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
75	Nerven	0.0060	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Sinnesorgane	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_n	0.0083	0.0000	undef	undef

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 16

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase 0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust 0.0026	0.0038	0.6805	1.4694
	Duennndarm 0.0031	0.0165	0.1854	5.3946
	Eierstock 0.0000	0.0104	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe 0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal 0.0038	0.0046	0.8283	1.2072
	Gehirn 0.0059	0.0041	1.4399	0.6945
	Haematopoetisch 0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut 0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch 0.0048	0.0000	undef	0.0000
15	Herz 0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden 0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge 0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre 0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett 0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere 0.0109	0.0068	1.5861	0.6305
	Pankreas 0.0017	0.0221	0.0748	13.3713
	Penis 0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata 0.0022	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium 0.0000	0.0528	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium 0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein 0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie 0.0000			
	Prostata-Hyperplasie 0.0000			
	Samenblase 0.0000			
30	Sinnesorgane 0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0009			
	Zervix 0.0000			

35	FOETUS
	%Haeufigkeit
	Entwicklung 0.0000
	Gastrointestinal 0.0000
	Gehirn 0.0063
40	Haematopoetisch 0.0000
	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0000
	Herz-Blutgefuesse 0.0000
	Lunge 0.0000
45	Nebenniere 0.0000
	Niere 0.0062
	Placenta 0.0000
	Prostata 0.0000
50	Sinnesorgane 0.0126

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
	%Haeufigkeit
	Brust 0.0000
55	Eierstock_n 0.0000
	Eierstock_t 0.0000
	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0058
	Gastrointestinal 0.0000
60	Haematopoetisch 0.0000
	Haut-Muskel 0.0032
	Hoden 0.0077
	Lunge 0.0000
	Nerven 0.0070
65	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000
	Uterus_n 0.0042

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 18

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0117	0.0077	1.5254	0.6555
	Brust	0.0026	0.0038	0.6805	1.4694
	Duennndarm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0136	0.0050	2.7170	0.3681
10	Gastrointestinal	0.0038	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0030	0.0051	0.5760	1.7362
	Haematopoetisch	0.0053	0.0379	0.1412	7.0845
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0194	0.0000	undef
15	Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0031	0.0041	0.7621	1.3122
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0060	0.0000	undef
20	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0109	0.0043	2.5591	0.3908
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0152	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0954	0.0000	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0069			
	Zervix	0.0000			

35		FOETUS	
		%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0000	
	Gastrointestinal	0.0056	
	Gehirn	0.0000	
40	Haematopoetisch	0.0079	
	Haut	0.0000	
	Hepatisch	0.0000	
	Herz-Blutgefuesse	0.0000	
	Lunge	0.0072	
45	Nebenniere	0.0000	
	Niere	0.0000	
	Placenta	0.0000	
	Prostata	0.0000	
50	Sinnesorgane	0.0000	

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
		%Haeufigkeit	
	Brust	0.0000	
55	Eierstock_n	0.0000	
	Eierstock_t	0.0203	
	Endokrines_Gewebe	0.0000	
	Foetal	0.0035	
	Gastrointestinal	0.0000	
60	Haematopoetisch	0.0000	
	Haut-Muskel	0.0162	
	Hoden	0.0000	
	Lunge	0.0000	
	Nerven	0.0020	
65	Prostata	0.0000	
	Sinnesorgane	0.0000	
	Uterus_n	0.0083	

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 19

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase 0.0039	0.0026	1.5254	0.6555
	Brust 0.0038	0.0000	undef	0.0000
	Duennndarm 0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock 0.0150	0.0052	2.8781	0.3474
	Endokrines_Gewebe 0.0017	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal 0.0096	0.0139	0.6903	1.4487
	Gehirn 0.0037	0.0041	0.8999	1.1112
	Haematopoetisch 0.0053	0.0000	undef	0.0000
	Haut 0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch 0.0048	0.0065	0.7353	1.3600
15	Herz 0.0053	0.0000	undef	0.0000
	Hoden 0.0000	0.0117	0.0000	undef
	Lunge 0.0031	0.0061	0.5080	1.9684
	Magen-Speiserohre 0.0000	0.0230	0.0000	undef
	Muskel-Skelett 0.0000	0.0060	0.0000	undef
20	Niere 0.0027	0.0137	0.1983	5.0439
	Pankreas 0.0000	0.0221	0.0000	undef
	Penis 0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata 0.0065	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium 0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium 0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein 0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie 0.0000			
	Prostata-Hyperplasie 0.0000			
	Samenblase 0.0000			
30	Sinnesorgane 0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0017			
	Zervix 0.0000			
35	FOETUS			
	%Haeufigkeit			
	Entwicklung 0.0000			
	Gastrointestinal 0.0056			
	Gehirn 0.0000			
40	Haematopoetisch 0.0000			
	Haut 0.0000			
	Hepatisch 0.0000			
	Herz-Blutgefuesse 0.0000			
	Lunge 0.0036			
45	Nebenniere 0.0000			
	Niere 0.0000			
	Placenta 0.0000			
	Prostata 0.0499			
	Sinnesorgane 0.0000			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
	%Haeufigkeit			
	Brust 0.0000			
55	Eierstock_n 0.0000			
	Eierstock_t 0.0051			
	Endokrines_Gewebe 0.0000			
	Foetal 0.0029			
	Gastrointestinal 0.0122			
60	Haematopoetisch 0.0000			
	Haut-Muskel 0.0000			
	Hoden 0.0000			
	Lunge 0.0000			
	Nerven 0.0090			
65	Prostata 0.0137			
	Sinnesorgane 0.0000			
	Uterus_n 0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 20

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase 0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust 0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm 0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock 0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe 0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal 0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn 0.0007	0.0010	0.7200	1.3890
	Haematopoetisch 0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut 0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch 0.0000	0.0129	0.0000	undef
15	Herz 0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden 0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge 0.0062	0.0020	3.0482	0.3281
	Magen-Speiserohre 0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett 0.0017	0.0000	undef	0.0000
20	Niere 0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Pankreas 0.0000	0.0221	0.0000	undef
	Penis 0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata 0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium 0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium 0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein 0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie 0.0032			
	Prostata-Hyperplasie 0.0000			
	Samenblase 0.0000			
30	Sinnesorgane 0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0061			
	Zervix 0.0000			
35	FOETUS			
	%Haeufigkeit			
	Entwicklung 0.0000			
	Gastrointestinal 0.0028			
	Gehirn 0.0000			
40	Haematopoetisch 0.0000			
	Haut 0.0000			
	Hepatisch 0.0000			
	Herz-Blutgefuesse 0.0000			
	Lunge 0.0000			
45	Nebenniere 0.0000			
	Niere 0.0000			
	Placenta 0.0000			
	Prostata 0.0000			
50	Sinnesorgane 0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
	%Haeufigkeit			
	Brust 0.0000			
55	Eierstock_n 0.0000			
	Eierstock_t 0.0000			
	Endokrines_Gewebe 0.0000			
	Foetal 0.0017			
	Gastrointestinal 0.0122			
60	Haematopoetisch 0.0000			
	Haut-Muskel 0.0000			
	Hoden 0.0000			
	Lunge 0.0000			
	Nerven 0.0000			
65	Prostata 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0000			
	Uterus_n 0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 21

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0156	0.0051	3.0509	0.3278
	Brust	0.0077	0.0056	1.3611	0.7347
	Duennndarm	0.0092	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0025	0.0000	undef
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0046	0.4142	2.4145
	Gehirn	0.0000	0.0051	0.0000	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
15	Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0115	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0000	0.0041	0.0000	undef
	Magen-Speiserohre	0.0193	0.0230	0.8404	1.1900
	Muskel-Skelett	0.0120	0.0060	1.9989	0.5003
20	Niere	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0043	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0136	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0106			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0056			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0079			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0145			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0121			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0476			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0101			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0023			
	Gastrointestinal	0.0122			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0010			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 22

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0078	0.0077	1.0170	0.9833
	Brust	0.0038	0.0000	undef	0.0000
	Duenndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0077	0.0093	0.8283	1.2072
	Gehirn	0.0037	0.0031	1.1999	0.8334
	Haematopoetisch	0.0067	0.0000	undef	0.0000
15	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Lunge	0.0031	0.0061	0.5080	1.9684
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0086	0.0060	1.4278	0.7004
	Niere	0.0054	0.0000	undef	0.0000
25	Pankreas	0.0000	0.0221	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0044	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
30	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
35	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0208			
	Zervix	0.0000			

35	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
40	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0079
45	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
50	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

55	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
60	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0101
	Endokrines_Gewebe	0.0000
65	Foetal	0.0012
	Gastrointestinal	0.0244
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0065
	Hoden	0.0077
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0040
	Prostata	0.0137
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0000

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 23

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0051	0.0000	undef
	Brust	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0025	1.3585	0.7361
10	Gastrointestinal	0.0038	0.0046	0.8283	1.2072
	Gehirn	0.0015	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0042	0.0041	1.0161	0.9842
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0054	0.0068	0.7930	1.2610
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0954	0.0534	18.7357
	Brust-Hyperplasie	0.0096			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0178			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0249			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0023			
	Gastrointestinal	0.0122			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0154			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0020			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0232			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 24

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0078	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0102	0.0056	1.8147	0.5510
	Duennndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0085	0.0025	3.3962	0.2944
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0093	0.2071	4.8289
	Gehirn	0.0022	0.0031	0.7200	1.3890
	Haematopoetisch	0.0080	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0095	0.0194	0.4902	2.0400
15	Herz	0.0011	0.0137	0.0771	12.9706
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0031	0.0020	1.5241	0.6561
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0120	0.0000	undef
20	Niere	0.0081	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0044	0.0064	0.6824	1.4654
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0152	0.0068	2.2445	0.4455
	Uterus_allgemein	0.0204	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0089			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0106			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0111			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0068			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0012			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0010			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 25

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust	0.0026	0.0094	0.2722	3.6736
	Duennndarm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0052	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0050	0.3396	2.9444
10	Gastrointestinal	0.0115	0.0231	0.4970	2.0121
	Gehirn	0.0037	0.0021	1.7999	0.5556
	Haematopoetisch	0.0067	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0021	0.0275	0.0771	12.9706
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0073	0.0020	3.5562	0.2812
	Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0060	0.5711	1.7510
20	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0218	0.0341	0.6398	1.5631
	Uterus_Endometrium	0.0135	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0178			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0017			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0063			
40	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0071			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0121			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0126			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0101			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0052			
	Gastrointestinal	0.0122			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0065			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0042			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 26

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
40	Haematopoetisch	0.0000
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
45	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
50	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
	Brust	0.0000
55	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
60	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0000
65	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0000

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 27

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0078	0.0077	1.0170	0.9833
	Brust	0.0128	0.0150	0.8507	1.1756
	Duennndarm	0.0153	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0359	0.0182	1.9736	0.5067
	Endokrines_Gewebe	0.0273	0.0226	1.2076	0.8281
10	Gastrointestinal	0.0153	0.0185	0.8283	1.2072
	Gehirn	0.0133	0.0144	0.9257	1.0803
	Haematopoetisch	0.0201	0.0379	0.5293	1.8892
	Haut	0.0184	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0259	0.1838	5.4400
15	Herz	0.0064	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0115	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0166	0.0123	1.3548	0.7381
	Magen-Speiserohre	0.0193	0.0077	2.5211	0.3967
	Muskel-Skelett	0.0086	0.0060	1.4278	0.7004
20	Niere	0.0217	0.0137	1.5861	0.6305
	Pankreas	0.0017	0.0221	0.0748	13.3713
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0153	0.0106	1.4331	0.6978
	Uterus_Endometrium	0.0203	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0152	0.0408	0.3741	2.6732
	Uterus_allgemein	0.0255	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0178			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0087			
	Zervix	0.0000			
35					
40					
45					
50					
55					
60					
65					

NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN

%Haeufigkeit

	Brust	0.0000
55	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0101
	Endokrines_Gewebe	0.0245
	Foetal	0.0186
	Gastrointestinal	0.0000
60	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0486
	Hoden	0.0386
	Lunge	0.0328
	Nerven	0.0151
65	Prostata	0.0068
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0333

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 28

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0078	0.0153	0.5085	1.9666
	Brust	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Duenn darm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0210	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0068	0.0025	2.7170	0.3681
10	Gastrointestinal	0.0038	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0030	0.0051	0.5760	1.7362
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0021	0.0137	0.1542	6.4853
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0125	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0307	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Pankreas	0.0033	0.0387	0.0855	11.6999
	Penis	0.0150	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0065	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0152	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0153	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0111			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0071			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0204			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0051			
	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0006			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0032			
	Hoden	0.0154			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0205			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0291			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 29

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase 0.0039	0.0000	undef	0.0000
	Brust 0.0013	0.0019	0.6805	1.4694
	Duennndarm 0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock 0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe 0.0051	0.0050	1.0189	0.9815
10	Gastrointestinal 0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn 0.0022	0.0021	1.0799	0.9260
	Haematopoetisch 0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Haut 0.0257	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz 0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Hoden 0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge 0.0031	0.0020	1.5241	0.6561
	Magen-Speiserohre 0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett 0.0000	0.0060	0.0000	undef
20	Niere 0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Pankreas 0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis 0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata 0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium 0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium 0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Uterus_allgemein 0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie 0.0032			
	Prostata-Hyperplasie 0.0059			
	Samenblase 0.0000			
30	Sinnesorgane 0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000			
	Zervix 0.0000			
35	FOETUS			
	%Haeufigkeit			
	Entwicklung 0.0000			
	Gastrointestinal 0.0056			
	Gehirn 0.0000			
40	Haematopoetisch 0.0000			
	Haut 0.0000			
	Hepatisch 0.0000			
	Herz-Blutgefuesse 0.0036			
	Lunge 0.0000			
45	Nebenniere 0.0000			
	Niere 0.0000			
	Placenta 0.0000			
	Prostata 0.0000			
50	Sinnesorgane 0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
	%Haeufigkeit			
	Brust 0.0000			
55	Eierstock_n 0.0000			
	Eierstock_t 0.0000			
	Endokrines_Gewebe 0.0490			
	Foetal 0.0012			
	Gastrointestinal 0.0000			
60	Haematopoetisch 0.0057			
	Haut-Muskel 0.0065			
	Hoden 0.0000			
	Lunge 0.0000			
	Nerven 0.0070			
65	Prostata 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0077			
	Uterus_n 0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 30

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase 0.0078	0.0128	0.6102	1.6389
	Brust 0.0102	0.0244	0.4188	2.3879
	Duennndarm 0.0153	0.0165	0.9268	1.0789
	Eierstock 0.0030	0.0026	1.1513	0.8686
	Endokrines_Gewebe 0.0017	0.0025	0.6792	1.4722
10	Gastrointestinal 0.0115	0.0231	0.4970	2.0121
	Gehirn 0.0081	0.0175	0.4659	2.1466
	Haematopoetisch 0.0067	0.0000	undef	0.0000
	Haut 0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch 0.0190	0.0647	0.2941	3.4000
15	Herz 0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Hoden 0.0115	0.0000	undef	0.0000
	Lunge 0.0052	0.0143	0.3629	2.7557
	Magen-Speiserohre 0.0000	0.0537	0.0000	undef
	Muskel-Skelett 0.0120	0.0060	1.9989	0.5003
20	Niere 0.0217	0.0548	0.3965	2.5219
	Pankreas 0.0000	0.0221	0.0000	undef
	Penis 0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata 0.0022	0.0043	0.5118	1.9538
	Uterus_Endometrium 0.0068	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium 0.0076	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein 0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie 0.0032			
	Prostata-Hyperplasie 0.0000			
	Samenblase 0.0000			
30	Sinnesorgane 0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0052			
	Zervix 0.0106			

35	FOETUS
	%Haeufigkeit
	Entwicklung 0.0000
	Gastrointestinal 0.0278
	Gehirn 0.0000
40	Haematopoetisch 0.0000
	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0260
	Herz-Blutgefuesse 0.0036
	Lunge 0.0000
45	Nebenniere 0.0000
	Niere 0.0000
	Placenta 0.0000
	Prostata 0.0000
50	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
	%Haeufigkeit
	Brust 0.0068
55	Eierstock_n 0.0000
	Eierstock_t 0.0051
	Endokrines_Gewebe 0.0245
	Foetal 0.0076
	Gastrointestinal 0.0122
60	Haematopoetisch 0.0057
	Haut-Muskel 0.0000
	Hoden 0.0000
	Lunge 0.0082
	Nerven 0.0000
65	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0155
	Uterus_n 0.0083

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 31

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase 0.0078	0.0026	3.0509	0.3278
	Brust 0.0026	0.0000	undef	0.0000
	Duennndarm 0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock 0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe 0.0051	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal 0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn 0.0052	0.0062	0.8400	1.1905
	Haematopoetisch 0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut 0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch 0.0000	0.0065	0.0000	undef
15	Herz 0.0032	0.0000	undef	0.0000
	Hoden 0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge 0.0010	0.0061	0.1693	5.9051
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett 0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere 0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas 0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis 0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata 0.0000	0.0106	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium 0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium 0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein 0.0000	0.0954	0.0000	undef
	Brust-Hyperplasie 0.0000			
	Prostata-Hyperplasie 0.0059			
	Samenblase 0.0089			
30	Sinnesorgane 0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0017			
	Zervix 0.0000			
35	FOETUS			
	%Haeufigkeit			
	Entwicklung 0.0000			
	Gastrointestinal 0.0028			
	Gehirn 0.0000			
40	Haematopoetisch 0.0039			
	Haut 0.0000			
	Hepatisch 0.0000			
	Herz-Blutgefuesse 0.0000			
	Lunge 0.0036			
45	Nebenniere 0.0000			
	Niere 0.0247			
	Placenta 0.0000			
	Prostata 0.0249			
	Sinnesorgane 0.0000			
50				
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
	%Haeufigkeit			
	Brust 0.0000			
55	Eierstock_n 0.0000			
	Eierstock_t 0.0051			
	Endokrines_Gewebe 0.0000			
	Foetal 0.0006			
	Gastrointestinal 0.0122			
60	Haematopoetisch 0.0000			
	Haut-Muskel 0.0000			
	Hoden 0.0000			
	Lunge 0.0000			
	Nerven 0.0020			
65	Prostata 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0000			
	Uterus_n 0.0042			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 32

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase 0.0039	0.0128	0.3051	3.2777
	Brust 0.0038	0.0000	undef	0.0000
	Duenn darm 0.0153	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock 0.0030	0.0026	1.1513	0.8686
	Endokrines_Gewebe 0.0034	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal 0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn 0.0037	0.0154	0.2400	4.1669
	Haematopoetisch 0.0067	0.0000	undef	0.0000
	Haut 0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch 0.0048	0.0000	undef	0.0000
15	Herz 0.0064	0.0137	0.4626	2.1618
	Hoden 0.0115	0.0000	undef	0.0000
	Lunge 0.0031	0.0123	0.2540	3.9367
	Magen-Speiserohre 0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett 0.0103	0.0060	1.7133	0.5837
20	Niere 0.0027	0.0068	0.3965	2.5219
	Pankreas 0.0017	0.0387	0.0427	23.3998
	Penis 0.0000	0.0267	0.0000	undef
	Prostata 0.0022	0.0021	1.0236	0.9769
	Uterus_Endometrium 0.0135	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium 0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein 0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie 0.0064			
	Prostata-Hyperplasie 0.0030			
	Samenblase 0.0000			
30	Sinnesorgane 0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0061			
	Zervix 0.0000			
35	FOETUS			
	%Haeufigkeit			
	Entwicklung 0.0000			
	Gastrointestinal 0.0083			
	Gehirn 0.0188			
40	Haematopoetisch 0.0118			
	Haut 0.0000			
	Hepatisch 0.0000			
	Herz-Blutgefuesse 0.0071			
	Lunge 0.0108			
45	Nebenniere 0.0000			
	Niere 0.0124			
	Placenta 0.0000			
	Prostata 0.0000			
50	Sinnesorgane 0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
	%Haeufigkeit			
	Brust 0.0068			
55	Eierstock_n 0.0000			
	Eierstock_t 0.0051			
	Endokrines_Gewebe 0.0000			
	Foetal 0.0093			
	Gastrointestinal 0.0000			
60	Haematopoetisch 0.0000			
	Haut-Muskel 0.0065			
	Hoden 0.0000			
	Lunge 0.0000			
	Nerven 0.0070			
65	Prostata 0.0068			
	Sinnesorgane 0.0000			
	Uterus_n 0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 33

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0078	0.0026	3.0509	0.3278
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0030	0.0031	0.9599	1.0417
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
15	Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0010	0.0061	0.1693	5.9051
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0064	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			
	FOETUS				
35		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestenstinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0039			
40	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefaessee	0.0000			
	Lunge	0.0036			
	Nebenniere	0.0000			
45	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0499			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
55	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
60	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
65	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 34

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0020	0.0000	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0060	0.0000	undef
20	Niere	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0029			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 35

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Duennndarm	0.0000	0.0165	0.0000	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000	0.0000		
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0249			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0051			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 36

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase 0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust 0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Duenndarm 0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock 0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe 0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal 0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn 0.0007	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch 0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut 0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz 0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden 0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge 0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre 0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett 0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere 0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas 0.0000	0.0221	0.0000	undef
	Penis 0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata 0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium 0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium 0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein 0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie 0.0000			
	Prostata-Hyperplasie 0.0000			
	Samenblase 0.0000			
30	Sinnesorgane 0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000			
	Zervix 0.0000			
35	FOETUS			
	%Haeufigkeit			
	Entwicklung 0.0000			
	Gastrointestinal 0.0000			
	Gehirn 0.0000			
40	Haematopoetisch 0.0000			
	Haut 0.0000			
	Hepatisch 0.0000			
	Herz-Blutgefuesse 0.0000			
	Lunge 0.0000			
45	Nebenniere 0.0000			
	Niere 0.0000			
	Placenta 0.0000			
	Prostata 0.0000			
50	Sinnesorgane 0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
	%Haeufigkeit			
	Brust 0.0000			
55	Eierstock_n 0.0000			
	Eierstock_t 0.0000			
	Endokrines_Gewebe 0.0000			
	Foetal 0.0000			
	Gastrointestinal 0.0000			
60	Haematopoetisch 0.0000			
	Haut-Muskel 0.0000			
	Hoden 0.0000			
	Lunge 0.0000			
	Nerven 0.0000			
65	Prostata 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0000			
	Uterus_n 0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 37

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0026	1.5254	0.6555
	Brust	0.0026	0.0038	0.6805	1.4694
	Duenn darm	0.0061	0.0165	0.3707	2.6973
	Eierstock	0.0120	0.0026	4.6050	0.2172
	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0093	0.2071	4.8289
	Gehirn	0.0103	0.0062	1.6799	0.5953
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0031	0.0041	0.7621	1.3122
	Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0027	0.0068	0.3965	2.5219
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0043	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0043			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0079			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0121			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0101			
	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0052			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0114			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0246			
	Nerven	0.0090			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0125			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 38

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0038	0.0000	undef	0.0000
	Duenndarm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0102	0.0025	4.0755	0.2454
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0030	0.0041	0.7200	1.3890
	Haematopoetisch	0.0053	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0021	0.0275	0.0771	12.9706
	Hoden	0.0058	0.0117	0.4920	2.0326
	Lunge	0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Muskel-Skelett	0.0017	0.0120	0.1428	7.0040
	Niere	0.0054	0.0068	0.7930	1.2610
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0022	0.0021	1.0236	0.9769
25	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
30	Samenblase	0.0178			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
40	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0260			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
45	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0254			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
55		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
60	Eierstock_t	0.0051			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0035			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0057			
65	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0050			
	Prostata	0.0205			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 39

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase 0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust 0.0038	0.0019	2.0416	0.4898
	Duennndarm 0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock 0.0000	0.0052	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe 0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal 0.0000	0.0046	0.0000	undef
	Gehirn 0.0059	0.0010	5.7597	0.1736
	Haematopoetisch 0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut 0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch 0.0048	0.0000	undef	0.0000
15	Herz 0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden 0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge 0.0000	0.0020	0.0000	undef
	Magen-Speiserohre 0.0290	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett 0.0034	0.0060	0.5711	1.7510
20	Niere 0.0054	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas 0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis 0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata 0.0044	0.0043	1.0236	0.9769
	Uterus_Endometrium 0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium 0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein 0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie 0.0064			
	Prostata-Hyperplasie 0.0030			
	Samenblase 0.0000			
30	Sinnesorgane 0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000			
	Zervix 0.0000			
35	FOETUS			
	%Haeufigkeit			
	Entwicklung 0.0000			
	Gastrointestinal 0.0000			
	Gehirn 0.0000			
40	Haematopoetisch 0.0039			
	Haut 0.0000			
	Hepatisch 0.0000			
	Herz-Blutgefuesse 0.0000			
	Lunge 0.0036			
45	Nebenniere 0.0254			
	Niere 0.0000			
	Placenta 0.0000			
	Prostata 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0000			
50				
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
	%Haeufigkeit			
	Brust 0.0000			
55	Eierstock_n 0.0000			
	Eierstock_t 0.0051			
	Endokrines_Gewebe 0.0000			
	Foetal 0.0006			
	Gastrointestinal 0.0000			
60	Haematopoetisch 0.0000			
	Haut-Muskel 0.0065			
	Hoden 0.0000			
	Lunge 0.0082			
	Nerven 0.0050			
65	Prostata 0.0068			
	Sinnesorgane 0.0155			
	Uterus_n 0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 40

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0025	0.0000	undef
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0000	0.0041	0.0000	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0129	0.0000	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0022	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0136	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0096			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0043			
	Zervix	0.0106			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0121			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0068			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0101			
	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0012			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0285			
	Haut-Muskel	0.0065			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 41

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0078	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0115	0.0075	1.5312	0.6531
	Duenn darm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0210	0.0026	8.0588	0.1241
10	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0025	0.6792	1.4722
	Gastrointestinal	0.0077	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0067	0.0051	1.2959	0.7716
	Haematopoetisch	0.0067	0.0000	undef	0.0000
15	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
	Herz	0.0011	0.0137	0.0771	12.9706
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Lunge	0.0021	0.0020	1.0161	0.9842
	Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Pankreas	0.0017	0.0221	0.0748	13.3713
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0218	0.0192	1.1374	0.8792
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
30	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0089			
35	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0069			
	Zervix	0.0106			
40	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
45	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
50	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
55	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0251			
60	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0612			
	Eierstock_n	0.0000			
65	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0047			
	Gastrointestinal	0.0000			
70	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
75	Nerven	0.0010			
	Prostata	0.0205			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0208			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 42

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0102	0.0000	undef
	Brust	0.0038	0.0019	2.0416	0.4898
	Duennndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0030	0.0026	1.1513	0.8686
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0075	0.0000	undef
10	Gastrointestinal	0.0038	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0111	0.0031	3.5998	0.2778
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0129	0.0000	undef
15	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0042	0.0041	1.0161	0.9842
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0054	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0030	0.0533	0.0562	17.8070
	Prostata	0.0109	0.0149	0.7312	1.3677
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0136	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0267			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026			
	Zervix	0.0106			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointenstinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefaesse	0.0000			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0136			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0006			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0040			
65	Prostata	0.0274			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 43

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0078	0.0051	1.5254	0.6555
	Brust	0.0026	0.0113	0.2268	4.4083
	Duenndarm	0.0092	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0060	0.0026	2.3025	0.4343
	Endokrines_Gewebe	0.0136	0.0075	1.8113	0.5521
10	Gastrointestinal	0.0096	0.0139	0.6903	1.4487
	Gehirn	0.0059	0.0092	0.6400	1.5626
	Haematopoetisch	0.0094	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0129	0.0000	undef
15	Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0173	0.0117	1.4759	0.6775
	Lunge	0.0135	0.0061	2.2015	0.4542
	Magen-Speiseroehre	0.0193	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0060	0.5711	1.7510
20	Niere	0.0027	0.0137	0.1983	5.0439
	Pankreas	0.0033	0.0221	0.1496	6.6857
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0131	0.0128	1.0236	0.9769
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0305	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0096			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0178			
30	Sinnesorgane	0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0087			
	Zervix	0.0106			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0063			
40	Haematopoetisch	0.0118			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0121			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0204			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0101			
	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0035			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0010			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0042			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 44

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase 0.0234	0.0026	9.1527	0.1093
	Brust 0.0077	0.0094	0.8166	1.2245
	Duenndarm 0.0123	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock 0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe 0.0034	0.0050	0.6792	1.4722
10	Gastrointestinal 0.0057	0.0139	0.4142	2.4145
	Gehirn 0.0015	0.0021	0.7200	1.3890
	Haematopoetisch 0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut 0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch 0.0048	0.0129	0.3676	2.7200
15	Herz 0.0074	0.0000	undef	0.0000
	Hoden 0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge 0.0052	0.0020	2.5402	0.3937
	Magen-Speiserohre 0.0097	0.0077	1.2605	0.7933
	Muskel-Skelett 0.0069	0.0000	undef	0.0000
20	Niere 0.0081	0.0137	0.5948	1.6813
	Pankreas 0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis 0.0150	0.0800	0.1872	5.3421
	Prostata 0.0109	0.0085	1.2795	0.7815
	Uterus_Endometrium 0.0068	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium 0.0076	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein 0.0102	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie 0.0064			
	Prostata-Hyperplasie 0.0059			
	Samenblase 0.0000			
30	Sinnesorgane 0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0078			
	Zervix 0.0213			
35	FOETUS			
	%Haeufigkeit			
	Entwicklung 0.0000			
	Gastrointestinal 0.0056			
	Gehirn 0.0000			
40	Haematopoetisch 0.0000			
	Haut 0.0000			
	Hepatisch 0.0000			
	Herz-Blutgefuesse 0.0000			
	Lunge 0.0108			
45	Nebenniere 0.0000			
	Niere 0.0000			
	Placenta 0.0000			
	Prostata 0.0000			
50	Sinnesorgane 0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
	%Haeufigkeit			
	Brust 0.0408			
55	Eierstock_n 0.1595			
	Eierstock_t 0.0101			
	Endokrines_Gewebe 0.0000			
	Foetal 0.0029			
	Gastrointestinal 0.0122			
60	Haematopoetisch 0.0000			
	Haut-Muskel 0.0130			
	Hoden 0.0154			
	Lunge 0.0082			
	Nerven 0.0000			
65	Prostata 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0000			
	Uterus_n 0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 45

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.0000		0.0102		0.0000	undef
	Brust	0.0051		0.0056		0.9074	1.1021
	Duenn darm	0.0092		0.0331		0.2781	3.5964
	Eierstock	0.0000		0.0026		0.0000	undef
	Endokrines Gewebe	0.0051		0.0000		undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0057		0.0046		1.2425	0.8048
	Gehirn	0.0052		0.0082		0.6300	1.5874
	Haematopoetisch	0.0107		0.0379		0.2823	3.5422
	Haut	0.0000		0.0000		undef	undef
	Hepatisch	0.0048		0.0000		undef	0.0000
15	Herz	0.0021		0.0412		0.0514	19.4559
	Hoden	0.0115		0.0234		0.4920	2.0326
	Lunge	0.0083		0.0020		4.0643	0.2460
	Magen-Speiserohre	0.0000		0.0077		0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0034		0.0000		undef	0.0000
20	Niere	0.0027		0.0000		undef	0.0000
	Pankreas	0.0017		0.0166		0.0997	10.0285
	Penis	0.0000		0.0000		undef	undef
	Prostata	0.0153		0.0085		1.7913	0.5582
	Uterus_Endometrium	0.0068		0.0000		undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0076		0.0000		undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0000		0.0000		undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000					
	Prostata-Hyperplasie	0.0059					
	Samenblase	0.0000					
30	Sinnesorgane	0.0118					
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0069					
	Zervix	0.0106					
35	FOETUS						
	%Haeufigkeit						
	Entwicklung	0.0000					
	Gastrointestinal	0.0083					
	Gehirn	0.0000					
40	Haematopoetisch	0.0039					
	Haut	0.0000					
	Hepatisch	0.0000					
	Herz-Blutgefuesse	0.0000					
	Lunge	0.0108					
45	Nebenniere	0.0254					
	Niere	0.0062					
	Placenta	0.0000					
	Prostata	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0000					
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN						
	%Haeufigkeit						
	Brust	0.0340					
55	Eierstock_n	0.0000					
	Eierstock_t	0.0000					
	Endokrines_Gewebe	0.0000					
	Foetal	0.0093					
	Gastrointestinal	0.0000					
60	Haematopoetisch	0.0456					
	Haut-Muskel	0.0000					
	Hoden	0.0231					
	Lunge	0.0410					
	Nerven	0.0040					
65	Prostata	0.0137					
	Sinnesorgane	0.0000					
	Uterus_n	0.0083					

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 46

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase 0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust 0.0026	0.0000	undef	0.0000
	Duennndarm 0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock 0.0000	0.0052	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe 0.0017	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal 0.0019	0.0046	0.4142	2.4145
	Gehirn 0.0000	0.0010	0.0000	undef
	Haematopoetisch 0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut 0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz 0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Hoden 0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge 0.0000	0.0041	0.0000	undef
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett 0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere 0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas 0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis 0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata 0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium 0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium 0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein 0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie 0.0000			
	Prostata-Hyperplasie 0.0030			
	Samenblase 0.0000			
30	Sinnesorgane 0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0017			
	Zervix 0.0000			
35	FOETUS			
	%Haeufigkeit			
	Entwicklung 0.0000			
	Gastrointestinal 0.0000			
	Gehirn 0.0000			
40	Haematopoetisch 0.0000			
	Haut 0.0000			
	Hepatisch 0.0000			
	Herz-Blutgefuesse 0.0000			
	Lunge 0.0000			
45	Nebenniere 0.0000			
	Niere 0.0000			
	Placenta 0.0000			
	Prostata 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0000			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
	%Haeufigkeit			
	Brust 0.0000			
55	Eierstock_n 0.0000			
	Eierstock_t 0.0000			
	Endokrines_Gewebe 0.0000			
	Foetal 0.0000			
	Gastrointestinal 0.0000			
60	Haematopoetisch 0.0000			
	Haut-Muskel 0.0000			
	Hoden 0.0000			
	Lunge 0.0000			
	Nerven 0.0020			
65	Prostata 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0000			
	Uterus_n 0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 47

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0078	0.0026	3.0509	0.3278
	Brust	0.0038	0.0038	1.0208	0.9796
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0068	0.0025	2.7170	0.3681
10	Gastrointestinal	0.0057	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0044	0.0062	0.7200	1.3890
	Haematopoetisch	0.0040	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0053	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0020	0.0000	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0230	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0051	0.0060	0.8567	1.1673
20	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0017	0.0166	0.0997	10.0285
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0022	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0153	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0178			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0017			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0188			
40	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0108			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0251			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0051			
	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0012			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0097			
	Hoden	0.0077			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0131			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 48

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Endokrines Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0010	0.0000	undef
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
15	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Lunge	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0267	0.0000	undef
	Prostata	0.0022	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
30	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
35	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
40					
45					
50					
55					
60					
65					

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 49

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0013	0.0038	0.3403	2.9389
	Duennndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0030	0.0130	0.2303	4.3431
10	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0025	1.3585	0.7361
	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0052	0.0062	0.8400	1.1905
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Lunge	0.0031	0.0020	1.5241	0.6561
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0060	0.2856	3.5020
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Pankreas	0.0017	0.0221	0.0748	13.3713
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0043	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
30	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
35	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
40	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
45	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0260			
50	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
55	Placenta	0.0121			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
60	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0068			
	Eierstock_n	0.0000			
65	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0082			
	Gastrointestinal	0.0122			
70	Haematopoetisch	0.0114			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0164			
75	Nerven	0.0060			
	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0083			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 50

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust	0.0026	0.0019	1.3611	0.7347
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines Gewebe	0.0051	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0046	0.0000	undef
	Gehirn	0.0007	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0054	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0090	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0064	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0083
	Gehirn	0.0000
40	Haematopoetisch	0.0000
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
45	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
	Placenta	0.0121
	Prostata	0.0000
50	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
	Brust	0.0136
55	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0017
	Gastrointestinal	0.0000
60	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0010
65	Prostata	0.0068
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0000

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 51

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0156	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0026	0.0000	undef	0.0000
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0060	0.0078	0.7675	1.3029
	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0025	1.3585	0.7361
10	Gastrointestinal	0.0057	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0030	0.0021	1.4399	0.6945
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0053	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0022	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestenstinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefaessee	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0136			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0041			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 52

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0259	0.0000	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0021	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 53

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
			%Haeufigkeit	N/T T/N
5	Blase	0.0078	0.0153	0.5085 1.9666
	Brust	0.0051	0.0132	0.3889 2.5715
	Duennndarm	0.0031	0.0000	undef 0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0208	0.0000 undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0085	0.0025	3.3962 0.2944
	Gastrointestinal	0.0019	0.0093	0.2071 4.8289
	Gehirn	0.0030	0.0041	0.7200 1.3890
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef 0.0000
15	Haut	0.0110	0.0000	undef 0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0000	undef 0.0000
	Herz	0.0138	0.0000	undef 0.0000
	Hoden	0.0000	0.0234	0.0000 undef
20	Lunge	0.0031	0.0102	0.3048 3.2806
	Magen-Speiseroehre	0.0193	0.0153	1.2605 0.7933
	Muskel-Skelett	0.0103	0.0060	1.7133 0.5837
	Niere	0.0000	0.0000	undef undef
25	Pankreas	0.0000	0.0276	0.0000 undef
	Penis	0.0030	0.0000	undef 0.0000
	Prostata	0.0044	0.0085	0.5118 1.9538
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef 0.0000
30	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0000	undef 0.0000
	Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0064		
	Prostata-Hyperplasie	0.0059		
35	Samenblase	0.0000		
	Sinnesorgane	0.0118		
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0156		
	Zervix	0.0213		
40	FOETUS			
	%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000		
	Gastrointestinal	0.0000		
45	Gehirn	0.0063		
	Haematopoetisch	0.0039		
	Haut	0.0000		
	Hepatisch	0.0000		
50	Herz-Blutgefuesse	0.0142		
	Lunge	0.0072		
	Nebenniere	0.0000		
	Niere	0.0124		
55	Placenta	0.0061		
	Prostata	0.0000		
	Sinnesorgane	0.0000		
60	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
	%Haeufigkeit			
	Brust	0.0068		
	Eierstock_n	0.0000		
65	Eierstock_t	0.0152		
	Endokrines_Gewebe	0.0000		
	Foetal	0.0006		
	Gastrointestinal	0.0000		
70	Haematopoetisch	0.0000		
	Haut-Muskel	0.0032		
	Hoden	0.0000		
	Lunge	0.0246		
75	Nerven	0.0050		
	Prostata	0.0000		
	Sinnesorgane	0.0000		
	Uterus_n	0.0000		

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 54

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0390	0.0230	1.6949	0.5900
	Brust	0.0064	0.0056	1.1342	0.8817
	Duennndarm	0.0184	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0270	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0025	0.0000	undef
10	Gastrointestinal	0.0096	0.0046	2.0708	0.4829
	Gehirn	0.0007	0.0041	0.1800	5.5559
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0011	0.0275	0.0385	25.9412
	Hoden	0.0115	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0230	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0120	0.2856	3.5020
20	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0017	0.0221	0.0748	13.3713
	Penis	0.0449	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0109	0.0043	2.5591	0.3908
	Uterus_Endometrium	0.0608	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0610	0.0408	1.4964	0.6683
	Uterus_allgemein	0.0255	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0096			
	Prostata-Hyperplasie	0.0178			
	Samenblase	0.0267			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0106			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0056			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0107			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0121			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0204			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0101			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0017			
	Gastrointestinal	0.0122			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0065			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0010			
65	Prostata	0.0205			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0083			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 55

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0078	0.0128	0.6102	1.6389
	Brust	0.0051	0.0075	0.6805	1.4694
	Duendarm	0.0092	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0150	0.0052	2.8781	0.3474
	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0201	0.1698	5.8889
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0046	0.4142	2.4145
	Gehirn	0.0096	0.0051	1.8719	0.5342
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0095	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0000	0.0275	0.0000	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0010	0.0061	0.1693	5.9051
	Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0077	1.2605	0.7933
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0120	0.2856	3.5020
20	Niere	0.0081	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0221	0.0000	undef
	Penis	0.0090	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0065	0.0021	3.0709	0.3256
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0136	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0089			
	Samenblase	0.0267			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0087			
	Zervix	0.0106			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0136			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0101			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0052			
	Gastrointestinal	0.0122			
60	Haematopoetisch	0.0114			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0060			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 56

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase 0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust 0.0064	0.0000	undef	0.0000
	Duenndarm 0.0583	0.0662	0.8805	1.1357
	Eierstock 0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe 0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal 0.0498	0.0139	3.5895	0.2786
	Gehirn 0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch 0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut 0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch 0.0000	0.0323	0.0000	undef
15	Herz 0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden 0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge 0.0021	0.0020	1.0161	0.9842
	Magen-Speiserohre 0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett 0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere 0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas 0.0017	0.0331	0.0499	20.0570
	Penis 0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata 0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium 0.0068	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium 0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein 0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie 0.0096			
	Prostata-Hyperplasie 0.0030			
	Samenblase 0.0000			
30	Sinnesorgane 0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000			
	Zervix 0.0000			
35	FOETUS			
	%Haeufigkeit			
	Entwicklung 0.0000			
	Gastrointestinal 0.0000			
	Gehirn 0.0000			
40	Haematopoetisch 0.0000			
	Haut 0.0000			
	Hepatisch 0.0000			
	Herz-Blutgefuesse 0.0036			
	Lunge 0.0000			
45	Nebenniere 0.0000			
	Niere 0.0000			
	Placenta 0.0000			
	Prostata 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0000			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
	%Haeufigkeit			
	Brust 0.0000			
55	Eierstock_n 0.0000			
	Eierstock_t 0.0000			
	Endokrines_Gewebe 0.0000			
	Foetal 0.0000			
	Gastrointestinal 0.0122			
60	Haematopoetisch 0.0000			
	Haut-Muskel 0.0000			
	Hoden 0.0000			
	Lunge 0.0082			
	Nerven 0.0000			
65	Prostata 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0000			
	Uterus_n 0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 57

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase 0.0078	0.0000	undef	0.0000
	Brust 0.0077	0.0019	4.0832	0.2449
	Duennndarm 0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock 0.0030	0.0052	0.5756	1.7372
	Endokrines_Gewebe 0.0034	0.0050	0.6792	1.4722
10	Gastrointestinal 0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn 0.0037	0.0051	0.7200	1.3890
	Haematopoetisch 0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Haut 0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch 0.0000	0.0065	0.0000	undef
15	Herz 0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Hoden 0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge 0.0021	0.0061	0.3387	2.9526
	Magen-Speiserohre 0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett 0.0017	0.0000	undef	0.0000
20	Niere 0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas 0.0017	0.0166	0.0997	10.0285
	Penis 0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata 0.0022	0.0106	0.2047	4.8846
	Uterus_Endometrium 0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium 0.0076	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein 0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie 0.0032			
	Prostata-Hyperplasie 0.0119			
	Samenblase 0.0089			
30	Sinnesorgane 0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0043			
	Zervix 0.0106			
35	FOETUS			
	%Haeufigkeit			
	Entwicklung 0.0000			
	Gastrointestinal 0.0000			
	Gehirn 0.0250			
40	Haematopoetisch 0.0000			
	Haut 0.0000			
	Hepatisch 0.0000			
	Herz-Blutgefuesse 0.0000			
	Lunge 0.0000			
45	Nebenniere 0.0000			
	Niere 0.0062			
	Placenta 0.0000			
	Prostata 0.0000			
50	Sinnesorgane 0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
	%Haeufigkeit			
	Brust 0.0340			
55	Eierstock_n 0.0000			
	Eierstock_t 0.0101			
	Endokrines_Gewebe 0.0000			
	Foetal 0.0023			
	Gastrointestinal 0.0000			
60	Haematopoetisch 0.0000			
	Haut-Muskel 0.0000			
	Hoden 0.0000			
	Lunge 0.0082			
	Nerven 0.0110			
65	Prostata 0.0137			
	Sinnesorgane 0.0000			
	Uterus_n 0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 58

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0051	0.7627	1.3111
	Brust	0.0000	0.0019	0.0000	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0068	0.0025	2.7170	0.3681
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0007	0.0031	0.2400	4.1669
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000
15	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Lunge	0.0000	0.0082	0.0000	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Pankreas	0.0000	0.0221	0.0000	undef
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0043	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
30	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0102	0.0954	0.1067	9.3678
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0089			
35	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0353			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
40	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
45	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
50	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
55	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
60	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
65	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0058			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
70	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0154			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0050			
75	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0042			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 59

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0051	0.7627	1.3111
	Brust	0.0038	0.0000	undef	0.0000
	Duenndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0120	0.0052	2.3025	0.4343
	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0038	0.0093	0.4142	2.4145
	Gehirn	0.0044	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0013	0.0379	0.0353	28.3379
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0074	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0042	0.0041	1.0161	0.9842
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0051	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0027	0.0137	0.1983	5.0439
	Pankreas	0.0017	0.0221	0.0748	13.3713
	Penis	0.0150	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0022	0.0064	0.3412	2.9308
	Uterus_Endometrium	0.0135	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0087			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0126			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0164			
	Nerven	0.0010			
65	Prostata	0.0137			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0042			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 60

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.0039		0.0179		0.2179	4.5888
	Brust	0.0102		0.0056		1.8147	0.5510
	Duenn darm	0.0031		0.0000		undef	0.0000
	Eierstock	0.0000		0.0130		0.0000	undef
	Endokrines Gewebe	0.0085		0.0000		undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0000		0.0093		0.0000	undef
	Gehirn	0.0037		0.0164		0.2250	4.4447
	Haematopoetisch	0.0040		0.0000		undef	0.0000
	Haut	0.0073		0.0000		undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048		0.0129		0.3676	2.7200
15	Herz	0.0064		0.0000		undef	0.0000
	Hoden	0.0115		0.0117		0.9839	1.0163
	Lunge	0.0042		0.0082		0.5080	1.9684
	Magen-Speiserohre	0.0000		0.0000		undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0017		0.0180		0.0952	10.5060
20	Niere	0.0109		0.0205		0.5287	1.8915
	Pankreas	0.0017		0.0442		0.0374	26.7427
	Penis	0.0000		0.0000		undef	undef
	Prostata	0.0131		0.0000		undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0068		0.0000		undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0076		0.0136		0.5611	1.7821
	Uterus_allgemein	0.0051		0.0000		undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0064					
	Prostata-Hyperplasie	0.0059					
	Samenblase	0.0089					
30	Sinnesorgane	0.0000					
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000					
	Zervix	0.0000					
35							
40							
45							
50							
55							
60							
65							

NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN

%Haeufigkeit

55	Brust	0.0068
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0253
	Endokrines_Gewebe	0.0245
	Foetal	0.0064
60	Gastrointestinal	0.0244
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0227
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0164
65	Nerven	0.0070
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0042

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 61

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0077	0.5085	1.9666
	Brust	0.0038	0.0019	2.0416	0.4898
	Duenn darm	0.0123	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0060	0.0052	1.1513	0.8686
	Endokrines_Gewebe	0.0102	0.0150	0.6792	1.4722
10	Gastrointestinal	0.0077	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0096	0.0092	1.0399	0.9616
	Haematopoetisch	0.0107	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0053	0.0137	0.3855	2.5941
	Hoden	0.0173	0.0117	1.4759	0.6775
	Lunge	0.0021	0.0082	0.2540	3.9367
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0120	0.0120	0.9994	1.0006
20	Niere	0.0054	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0017	0.0221	0.0748	13.3713
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0087	0.0064	1.3648	0.7327
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0152	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0056			
	Gehirn	0.0063			
40	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0107			
	Lunge	0.0072			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0182			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0203			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0058			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0032			
	Hoden	0.0077			
	Lunge	0.0164			
	Nerven	0.0060			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 62

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0331	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 63

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.0156		0.0051		3.0509	0.3278
	Brust	0.0128		0.0075		1.7013	0.5878
	Duenn darm	0.0031		0.0000		undef	0.0000
	Eierstock	0.0000		0.0026		0.0000	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0000		0.0050		0.0000	undef
	Gastrointestinal	0.0134		0.0000		undef	0.0000
	Gehirn	0.0059		0.0031		1.9199	0.5209
	Haematopoetisch	0.0027		0.0000		undef	0.0000
15	Haut	0.0037		0.0000		undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000		0.0000		undef	undef
	Herz	0.0286		0.0000		undef	0.0000
	Hoden	0.0000		0.0000		undef	undef
20	Lunge	0.0052		0.0020		2.5402	0.3937
	Magen-Speiseroehre	0.0000		0.0000		undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0103		0.0060		1.7133	0.5837
	Niere	0.0000		0.0000		undef	undef
25	Pankreas	0.0000		0.0221		0.0000	undef
	Penis	0.0150		0.0000		undef	0.0000
	Prostata	0.0131		0.0043		3.0709	0.3256
	Uterus_Endometrium	0.0068		0.0000		undef	0.0000
30	Uterus_Myometrium	0.0457		0.0068		6.7336	0.1485
	Uterus_allgemein	0.0255		0.0000		undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000					
	Prostata-Hyperplasie	0.0149					
35	Samenblase	0.0534					
	Sinnesorgane	0.0000					
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000					
	Zervix	0.0000					
40	FOETUS						
	%Haeufigkeit						
	Entwicklung	0.0000					
	Gastrointestinal	0.0139					
45	Gehirn	0.0000					
	Haematopoetisch	0.0039					
	Haut	0.0000					
	Hepatisch	0.0000					
50	Herz-Blutgefuesse	0.0036					
	Lunge	0.0072					
	Nebenniere	0.0000					
	Niere	0.0062					
55	Placenta	0.0182					
	Prostata	0.0249					
	Sinnesorgane	0.0000					
60	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN						
	%Haeufigkeit						
	Brust	0.0068					
	Eierstock_n	0.0000					
65	Eierstock_t	0.0000					
	Endokrines_Gewebe	0.0000					
	Foetal	0.0017					
	Gastrointestinal	0.0000					
70	Haematopoetisch	0.0000					
	Haut-Muskel	0.0032					
	Hoden	0.0000					
	Lunge	0.0000					
75	Nerven	0.0010					
	Prostata	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0155					
	Uterus_n	0.0083					

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 64

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase 0.0039	0.0000	undef	0.0000
	Brust 0.0013	0.0038	0.3403	2.9389
	Duennndarm 0.0153	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock 0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe 0.0034	0.0125	0.2717	3.6805
10	Gastrointestinal 0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn 0.0037	0.0051	0.7200	1.3890
	Haematopoetisch 0.0053	0.0000	undef	0.0000
	Haut 0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch 0.0048	0.0000	undef	0.0000
15	Herz 0.0085	0.0000	undef	0.0000
	Hoden 0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge 0.0042	0.0041	1.0161	0.9842
	Magen-Speiserohre 0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett 0.0069	0.0060	1.1422	0.8755
20	Niere 0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas 0.0017	0.0166	0.0997	10.0285
	Penis 0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata 0.0022	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium 0.0068	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium 0.0305	0.0068	4.4891	0.2228
	Uterus_allgemein 0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie 0.0000			
	Prostata-Hyperplasie 0.0000			
	Samenblase 0.0000			
30	Sinnesorgane 0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0087			
	Zervix 0.0106			
35	FOETUS			
	%Haeufigkeit			
	Entwicklung 0.0000			
	Gastrointestinal 0.0028			
	Gehirn 0.0000			
40	Haematopoetisch 0.0079			
	Haut 0.0000			
	Hepatisch 0.0000			
	Herz-Blutgefuesse 0.0036			
	Lunge 0.0036			
45	Nebenniere 0.0254			
	Niere 0.0000			
	Placenta 0.0061			
	Prostata 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0000			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
	%Haeufigkeit			
	Brust 0.0000			
55	Eierstock_n 0.0000			
	Eierstock_t 0.0000			
	Endokrines_Gewebe 0.0000			
	Foetal 0.0064			
	Gastrointestinal 0.0000			
60	Haematopoetisch 0.0171			
	Haut-Muskel 0.0972			
	Hoden 0.0309			
	Lunge 0.0410			
	Nerven 0.0131			
65	Prostata 0.0068			
	Sinnesorgane 0.0000			
	Uterus_n 0.0208			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 65

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0046	0.4142	2.4145
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0052			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0012			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 66

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0026	0.0038	0.6805	1.4694
	Duennndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0052	0.0000	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0050	0.3396	2.9444
	Gastrointestinal	0.0153	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0000	0.0010	0.0000	undef
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0010	0.0000	undef	0.0000
20	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Prostata	0.0044	0.0043	1.0236	0.9769
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0064	0.0064	1.0000	1.0000
30	Prostata-Hyperplasie	0.0059	0.0059	1.0000	1.0000
	Samenblase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Sinnesorgane	0.0235	0.0235	1.0000	1.0000
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009	0.0009	1.0000	1.0000
35	Zervix	0.0000	0.0000	undef	undef
40	Entwicklung	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0028	0.0028	1.0000	1.0000
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
45	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz-Blutgefuesse	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0072	0.0072	1.0000	1.0000
50	Nebenniere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Placenta	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
55	Sinnesorgane	0.0000	0.0000	undef	undef
60	Brust	0.0068	0.0068	1.0000	1.0000
	Eierstock_n	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock_t	0.0101	0.0101	1.0000	1.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
65	Foetal	0.0017	0.0017	1.0000	1.0000
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut-Muskel	0.0000	0.0000	undef	undef
70	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Nerven	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0068	0.0068	1.0000	1.0000
75	Sinnesorgane	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_n	0.0000	0.0000	undef	undef

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 67

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0019	0.0000	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Gastrointestinal	0.0019	0.0093	0.2071	4.8289
	Gehirn	0.0030	0.0031	0.9599	1.0417
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Lunge	0.0031	0.0020	1.5241	0.6561
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0060	0.0000	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Pankreas	0.0017	0.0166	0.0997	10.0285
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0021	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
30	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
35	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			
40	FOETUS				
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0056			
45	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
50	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0254			
	Niere	0.0000			
55	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
60	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
65	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0035			
	Gastrointestinal	0.0000			
70	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0097			
	Hoden	0.0154			
	Lunge	0.0000			
75	Nerven	0.0040			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0232			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 68

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust	0.0038	0.0019	2.0416	0.4898
	Duenndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0051	0.0025	2.0377	0.4907
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0007	0.0021	0.3600	2.7779
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Lunge	0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0051	0.0060	0.8567	1.1673
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0022	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
30	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
35	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0043			
	Zervix	0.0000			
40	FOETUS				
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
45	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
50	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
55	Placenta	0.0242			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
60	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
65	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0017			
	Gastrointestinal	0.0000			
70	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
75	Nerven	0.0020			
	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 69

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0030	0.0000	undef	0.0000
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0015	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0068	0.0000	undef
25	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
30	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
35	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
40		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
45	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
50	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0036			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
55	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
60		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
65	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
70	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
75	Nerven	0.0020			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 70

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duendarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0041	0.0000	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
%Haeufigkeit					
55	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
60	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
65	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 71

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0195	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0038	0.0056	0.6805	1.4694
	Duennndarm	0.0061	0.0165	0.3707	2.6973
	Eierstock	0.0030	0.0052	0.5756	1.7372
	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0100	0.1698	5.8889
10	Gastrointestinal	0.0096	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0022	0.0103	0.2160	4.6299
	Haematopoetisch	0.0027	0.0758	0.0353	28.3379
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0125	0.0061	2.0321	0.4921
	Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0000	0.0137	0.0000	undef
	Pankreas	0.0000	0.0221	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0065	0.0021	3.0709	0.3256
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0528	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0095			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0056			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0810			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0000			
60	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0164			
	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0274			
	Sinnesorgane	0.0000			
65	Uterus_n	0.0083			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 72

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0078	0.0026	3.0509	0.3278
	Brust	0.0051	0.0038	1.3611	0.7347
	Duenn darm	0.0153	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0030	0.0156	0.1919	5.2117
	Endokrines_Gewebe	0.0068	0.0125	0.5434	1.8403
10	Gastrointestinal	0.0115	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0059	0.0113	0.5236	1.9098
	Haematopoetisch	0.0053	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
15	Herz	0.0053	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0115	0.0117	0.9839	1.0163
	Lunge	0.0052	0.0061	0.8467	1.1810
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0069	0.0060	1.1422	0.8755
20	Niere	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Pankreas	0.0017	0.0166	0.0997	10.0285
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0131	0.0064	2.0473	0.4885
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0229	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0089			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0071			
	Lunge	0.0072			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0124			
	Placenta	0.0121			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0152			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0122			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0130			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0010			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0083			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 73

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0102	0.0000	undef
	Brust	0.0013	0.0075	0.1701	5.8778
	Duenn darm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0068	0.0025	2.7170	0.3681
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0059	0.0031	1.9199	0.5209
	Haematopoetisch	0.0053	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0074	0.0137	0.5397	1.8529
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0010	0.0041	0.2540	3.9367
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0069	0.0120	0.5711	1.7510
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0267	0.0000	undef
	Prostata	0.0022	0.0085	0.2559	3.9077
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0152	0.0068	2.2445	0.4455
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0072			
45	Nebenniere	0.0254			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
55		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
60	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0023			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0032			
65	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0090			
	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0042			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 74

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0234	0.0051	4.5763	0.2185
	Brust	0.0115	0.0113	1.0208	0.9796
	Duenn darm	0.0153	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0210	0.0078	2.6863	0.3723
	Endokrines_Gewebe	0.0068	0.0100	0.6792	1.4722
10	Gastrointestinal	0.0134	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0089	0.0123	0.7200	1.3890
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
15	Herz	0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0115	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0062	0.0082	0.7621	1.3122
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0307	0.3151	3.1733
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0271	0.0205	1.3217	0.7566
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0509	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0087	0.0128	0.6824	1.4654
	Uterus_Endometrium	0.0203	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0305	0.0068	4.4891	0.2228
	Uterus_allgemein	0.0153	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0128			
	Prostata-Hyperplasie	0.0149			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0156			
	Zervix	0.0106			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0083			
	Gehirn	0.0063			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0072			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0126			
50					
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0051			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0052			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0162			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0080			
65	Prostata	0.0205			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0708			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 75

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0051	0.0000	undef
	Brust	0.0013	0.0038	0.3403	2.9389
	Duenndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0030	0.0026	1.1513	0.8686
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0050	0.0000	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0022	0.0031	0.7200	1.3890
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000
15	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
	Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Lunge	0.0010	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0086	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0044	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
30	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
35	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0106			
40	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
45	Gehirn	0.0063			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0260			
50	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0036			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
55	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
60	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0136			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
65	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
70	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0077			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0040			
75	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0083			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 76

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0026	1.5254	0.6555
	Brust	0.0051	0.0038	1.3611	0.7347
	Duennndarm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0120	0.0026	4.6050	0.2172
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0015	0.0041	0.3600	2.7779
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0095	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0173	0.0117	1.4759	0.6775
	Lunge	0.0021	0.0020	1.0161	0.9842
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0051	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0054	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0022	0.0043	0.5118	1.9538
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0152	0.0068	2.2445	0.4455
	Uterus_allgemein	0.0051	0.1908	0.0267	37.4714
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0249			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.1595			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0122			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0065			
	Hoden	0.0231			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0167			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 77

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0026	1.5254	0.6555
	Brust	0.0281	0.0226	1.2476	0.8015
	Duenn darm	0.0307	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0085	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0115	0.0278	0.4142	2.4145
	Gehirn	0.0037	0.0072	0.5143	1.9446
	Haematopoetisch	0.0053	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0220	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0065	0.7353	1.3600
15	Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0061	0.0000	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0171	0.0180	0.9518	1.0506
20	Niere	0.0190	0.0068	2.7756	0.3603
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0021	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium	0.0135	0.1055	0.1280	7.8106
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0128			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0106			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0139			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0181			
45	Nebenniere	0.0254			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0303			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0476			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0101			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0157			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0000			
60	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0050			
	Prostata	0.0137			
	Sinnesorgane	0.0000			
65	Uterus_n	0.0208			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 78

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0051	0.0025	2.0377	0.4907
	Gastrointestinal	0.0000	0.0093	0.0000	undef
	Gehirn	0.0015	0.0010	1.4399	0.6945
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000
15	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
20	Lunge	0.0010	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0060	0.0000	undef
	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
25	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0022	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
30	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
35	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			
40	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
45	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
50	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
55	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
60	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
65	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0035			
	Gastrointestinal	0.0000			
70	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0065			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
75	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0042			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 79

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 80

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.0000		0.0000		undef	undef
	Brust	0.0000		0.0000		undef	undef
	Duennndarm	0.0429		0.0165		2.5952	0.3853
	Eierstock	0.0060		0.0078		0.7675	1.3029
10	Endokrines_Gewebe	0.0000		0.0000		undef	undef
	Gastrointestinal	0.0556		0.0185		3.0027	0.3330
	Gehirn	0.0000		0.0000		undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000		0.0000		undef	undef
15	Haut	0.0000		0.0000		undef	undef
	Hepatisch	0.0048		0.0000		undef	0.0000
	Herz	0.0000		0.0000		undef	undef
	Hoden	0.0000		0.0000		undef	undef
20	Lunge	0.0000		0.0020		0.0000	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000		0.0230		0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0000		0.0000		undef	undef
	Niere	0.0000		0.0000		undef	undef
25	Pankreas	0.0017		0.0221		0.0748	13.3713
	Penis	0.0000		0.0000		undef	undef
	Prostata	0.0000		0.0000		undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000		0.0000		undef	undef
30	Uterus_Myometrium	0.0000		0.0000		undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000		0.0000		undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000					
	Prostata-Hyperplasie	0.0000					
35	Samenblase	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0000					
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000					
	Zervix	0.0000					
40	FOETUS						
	%Haeufigkeit						
	Entwicklung	0.0000					
	Gastrointestinal	0.0139					
45	Gehirn	0.0000					
	Haematopoetisch	0.0000					
	Haut	0.0000					
	Hepatisch	0.0000					
50	Herz-Blutgefuesse	0.0000					
	Lunge	0.0000					
	Nebenniere	0.0000					
	Niere	0.0000					
55	Placenta	0.0000					
	Prostata	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0000					
60	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN						
	%Haeufigkeit						
	Brust	0.0000					
	Eierstock_n	0.0000					
65	Eierstock_t	0.0152					
	Endokrines_Gewebe	0.0000					
	Foetal	0.0000					
	Gastrointestinal	0.0122					
70	Haematopoetisch	0.0000					
	Haut-Muskel	0.0000					
	Hoden	0.0000					
	Lunge	0.0000					
75	Nerven	0.0000					
	Prostata	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0000					
	Uterus_n	0.0000					

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 81

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0128	0.3051	3.2777
	Brust	0.0064	0.0075	0.8507	1.1756
	Duenn darm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0234	0.0000	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0068	0.0000	undef	0.0000
	Gastrointestinal	0.0057	0.0093	0.6213	1.6096
	Gehirn	0.0214	0.0092	2.3199	0.4311
	Haematopoetisch	0.0107	0.0000	undef	0.0000
15	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0085	0.0412	0.2056	4.8640
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
20	Lunge	0.0062	0.0082	0.7621	1.3122
	Magen-Speiserohre	0.0290	0.0383	0.7563	1.3222
	Muskel-Skelett	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0054	0.0068	0.7930	1.2610
25	Pankreas	0.0017	0.0276	0.0598	16.7142
	Penis	0.0150	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0064	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
30	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0136	0.5611	1.7821
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0192			
	Prostata-Hyperplasie	0.0119			
35	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0353			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0095			
	Zervix	0.0106			
40	FOETUS				
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0056			
45	Gehirn	0.0250			
	Haematopoetisch	0.0157			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
50	Herz-Blutgefuesse	0.0071			
	Lunge	0.0036			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
55	Placenta	0.0182			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
60	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0068			
	Eierstock_n	0.0000			
65	Eierstock_t	0.0203			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0134			
	Gastrointestinal	0.0244			
70	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0518			
	Hoden	0.0154			
	Lunge	0.0082			
75	Nerven	0.0141			
	Prostata	0.0137			
	Sinnesorgane	0.0077			
	Uterus_n	0.0042			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 82

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0019	0.0000	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0046	0.0000	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0115	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0000	0.0020	0.0000	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0017	0.0166	0.0997	10.0285
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0023			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0032			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 83

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0077	0.5085	1.9666
	Brust	0.0038	0.0038	1.0208	0.9796
	Duennndarm	0.0000	0.0165	0.0000	undef
	Eierstock	0.0000	0.0156	0.0000	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0075	0.0000	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0046	0.0000	undef
	Gehirn	0.0067	0.0051	1.2959	0.7716
	Haematopoetisch	0.0107	0.0379	0.2823	3.5422
15	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000
	Herz	0.0000	0.0137	0.0000	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Lunge	0.0073	0.0082	0.8891	1.1248
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
25	Pankreas	0.0017	0.0166	0.0997	10.0285
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0021	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
30	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
35	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0121			
	Zervix	0.0106			
40		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
45	Gehirn	0.0063			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
50	Herz-Blutgefuesse	0.0107			
	Lunge	0.0036			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
55	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
60		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.1595			
65	Eierstock_t	0.0051			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0070			
	Gastrointestinal	0.0244			
70	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0097			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0328			
75	Nerven	0.0070			
	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 84

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0102	0.3814	2.6222
	Brust	0.0026	0.0056	0.4537	2.2042
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0025	0.6792	1.4722
10	Gastrointestinal	0.0038	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0089	0.0092	0.9599	1.0417
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
15	Herz	0.0053	0.0137	0.3855	2.5941
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0062	0.0020	3.0482	0.3281
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0221	0.0000	undef
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0022	0.0064	0.3412	2.9308
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0136	0.5611	1.7821
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0063			
40	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0108			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0499			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0041			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0032			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0050			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0083			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 85

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0128	0.3051	3.2777
	Brust	0.0153	0.0132	1.1666	0.8572
	Duennndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0120	0.0208	0.5756	1.7372
	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0100	0.3396	2.9444
10	Gastrointestinal	0.0077	0.0093	0.8283	1.2072
	Gehirn	0.0067	0.0123	0.5400	1.8520
	Haematopoetisch	0.0134	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0147	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0194	0.0000	undef
15	Herz	0.0148	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0093	0.0102	0.9145	1.0935
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0153	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0086	0.0180	0.4759	2.1012
20	Niere	0.0027	0.0411	0.0661	15.1317
	Pankreas	0.0000	0.0331	0.0000	undef
	Penis	0.0090	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0065	0.0149	0.4387	2.2795
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0528	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0152	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0238			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0052			
	Zervix	0.0106			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0139			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0079			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0181			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0121			
	Prostata	0.0249			
	Sinnesorgane	0.0251			
50					
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0068			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0051			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0140			
	Gastrointestinal	0.0122			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0097			
	Hoden	0.0154			
	Lunge	0.0164			
	Nerven	0.0050			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0167			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 86

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0102	0.3814	2.6222
	Brust	0.0064	0.0000	undef	0.0000
	Duennndarm	0.0031	0.0165	0.1854	5.3946
	Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0136	0.0025	5.4340	0.1840
10	Gastrointestinal	0.0038	0.0046	0.8283	1.2072
	Gehirn	0.0022	0.0082	0.2700	3.7039
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
15	Herz	0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0230	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0042	0.0061	0.6774	1.4763
	Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0230	0.4202	2.3799
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0000	0.0205	0.0000	undef
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0090	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0022	0.0106	0.2047	4.8846
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0136	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0353			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0035			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0056			
	Gehirn	0.0063			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0254			
	Niere	0.0124			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.1595			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0023			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0065			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0030			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0155			
	Uterus_n	0.0042			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 87

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0195	0.0179	1.0896	0.9178
	Brust	0.0166	0.0019	8.8469	0.1130
	Duenn darm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0030	0.0104	0.2878	3.4745
	Endokrines Gewebe	0.0034	0.0100	0.3396	2.9444
10	Gastrointestinal	0.0115	0.0231	0.4970	2.0121
	Gehirn	0.0118	0.0092	1.2799	0.7813
	Haematopoetisch	0.0080	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
15	Herz	0.0021	0.0137	0.1542	6.4853
	Hoden	0.0115	0.0234	0.4920	2.0326
	Lunge	0.0042	0.0061	0.6774	1.4763
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0153	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0137	0.0180	0.7615	1.3133
20	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0017	0.0166	0.0997	10.0285
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0109	0.0128	0.8530	1.1723
	Uterus_Endometrium	0.0135	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0068	1.1223	0.8911
	Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0160			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0178			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0087			
	Zervix	0.0106			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0139			
	Gehirn	0.0313			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0072			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0371			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0249			
	Sinnesorgane	0.0251			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0101			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0029			
	Gastrointestinal	0.0244			
	Haematopoetisch	0.0114			
	Haut-Muskel	0.0000			
60	Hoden	0.0077			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0020			
	Prostata	0.0137			
	Sinnesorgane	0.0000			
65	Uterus_n	0.0083			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 88

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0117	0.0051	2.2882	0.4370
	Brust	0.0064	0.0113	0.5671	1.7633
	Duennndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0060	0.0052	1.1513	0.8686
	Endokrines_Gewebe	0.0136	0.0150	0.9057	1.1042
10	Gastrointestinal	0.0057	0.0046	1.2425	0.8048
	Gehirn	0.0170	0.0113	1.5054	0.6643
	Haematopoetisch	0.0040	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0095	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0095	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0115	0.0117	0.9839	1.0163
	Lunge	0.0083	0.0143	0.5806	1.7223
	Magen-Speiserohre	0.0290	0.0153	1.8908	0.5289
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0060	0.2856	3.5020
20	Niere	0.0027	0.0137	0.1983	5.0439
	Pankreas	0.0033	0.0331	0.0997	10.0285
	Penis	0.0150	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0065	0.0106	0.6142	1.6282
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0229	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0153	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0160			
	Prostata-Hyperplasie	0.0119			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0069			
	Zervix	0.0106			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0278			
	Gastrointenstinal	0.0139			
	Gehirn	0.0125			
40	Haematopoetisch	0.0079			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0213			
	Lunge	0.0181			
45	Nebenniere	0.0254			
	Niere	0.0124			
	Placenta	0.0182			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0136			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0175			
	Gastrointestinal	0.0122			
60	Haematopoetisch	0.0114			
	Haut-Muskel	0.0227			
	Hoden	0.0309			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0120			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0387			
	Uterus_n	0.0042			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 90

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0117	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0123	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0057	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 91

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0429	0.0767	0.5593	1.7879
	Brust	0.0652	0.0320	2.0416	0.4898
	Duenn darm	0.0061	0.0331	0.1854	5.3946
	Eierstock	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines Gewebe	0.0034	0.0075	0.4528	2.2083
10	Gastrointestinal	0.0153	0.0370	0.4142	2.4145
	Gehirn	0.0126	0.1294	0.0971	10.2947
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0110	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0194	0.0000	undef
15	Herz	0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0117	0.4920	2.0326
	Lunge	0.0073	0.0123	0.5927	1.6872
	Magen-Speiserohre	0.0193	0.0153	1.2605	0.7933
	Muskel-Skelett	0.0120	0.0360	0.3331	3.0017
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0033	0.0607	0.0544	18.3856
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0044	0.0085	0.5118	1.9538
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0128			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0278			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0063			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0213			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0272			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.1224			
	Foetal	0.0093			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0131			
65	Prostata	0.0137			
	Sinnesorgane	0.0155			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 92

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0051	0.0000	undef
	Brust	0.0102	0.0132	0.7777	1.2858
	Duennndarm	0.0092	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0060	0.0052	1.1513	0.8686
	Endokrines_Gewebe	0.0170	0.0100	1.6981	0.5889
10	Gastrointestinal	0.0115	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0059	0.0041	1.4399	0.6945
	Haematopoetisch	0.0053	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0476	0.1359	0.3501	2.8560
15	Herz	0.0074	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0115	0.0234	0.4920	2.0326
	Lunge	0.0062	0.0041	1.5241	0.6561
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0153	0.6303	1.5866
	Muskel-Skelett	0.0051	0.0060	0.8567	1.1673
20	Niere	0.0136	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0017	0.0166	0.0997	10.0285
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0479	0.0490	0.9791	1.0213
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0096			
	Prostata-Hyperplasie	0.0208			
	Samenblase	0.0178			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0035			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0056			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0124			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0249			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0204			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0203			
	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0146			
	Gastrointestinal	0.0122			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0309			
	Lunge	0.0164			
	Nerven	0.0060			
65	Prostata	0.0274			
	Sinnesorgane	0.0077			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 93

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0015	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0040	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0011	0.0137	0.0771	12.9706
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0017	0.0166	0.0997	10.0285
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0043	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0061			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0520			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0072			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0121			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0544			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0192			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0010			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0083			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 94

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0078	0.0077	1.0170	0.9833
	Brust	0.0090	0.0150	0.5955	1.6794
	Duennndarm	0.0123	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0030	0.0078	0.3838	2.6058
	Endokrines_Gewebe	0.0136	0.0025	5.4340	0.1840
10	Gastrointestinal	0.0096	0.0139	0.6903	1.4487
	Gehirn	0.0163	0.0082	1.9799	0.5051
	Haematopoetisch	0.0094	0.0379	0.2470	4.0483
	Haut	0.0220	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0194	0.0000	undef
15	Herz	0.0159	0.0137	1.1565	0.8647
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0135	0.0102	1.3209	0.7571
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0153	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0051	0.0060	0.8567	1.1673
20	Niere	0.0163	0.0068	2.3791	0.4203
	Pankreas	0.0033	0.0442	0.0748	13.3713
	Penis	0.0120	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0087	0.0021	4.0945	0.2442
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0136	0.5611	1.7821
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0096			
	Prostata-Hyperplasie	0.0119			
	Samenblase	0.0356			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0095			
	Zervix	0.0213			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0188			
40	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0145			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0124			
	Placenta	0.0182			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0068			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0101			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0023			
	Gastrointestinal	0.0244			
60	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0162			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0410			
	Nerven	0.0161			
65	Prostata	0.0205			
	Sinnesorgane	0.0077			
	Uterus_n	0.0042			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 95

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0064	0.0000	undef	0.0000
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0046	0.0000	undef
	Gehirn	0.0000	0.0010	0.0000	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0017			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0124			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0251			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0012			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0228			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0077			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 96

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0117	0.0051	2.2882	0.4370
	Brust	0.0115	0.0038	3.0624	0.3265
	Duenn darm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0120	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines Gewebe	0.0017	0.0025	0.6792	1.4722
10	Gastrointestinal	0.0077	0.0046	1.6567	0.6036
	Gehirn	0.0074	0.0133	0.5538	1.8057
	Haematopoetisch	0.0067	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0257	0.2542	0.1011	9.8931
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0073	0.0082	0.8891	1.1248
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0120	0.0000	undef
20	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0017	0.0166	0.0997	10.0285
	Penis	0.0120	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0044	0.0021	2.0473	0.4885
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0136	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0306	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0128			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0121			
	Zervix	0.0213			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0083			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0079			
	Haut	0.7538			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0507			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0121			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0101			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0023			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0171			
	Haut-Muskel	0.0032			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0164			
	Nerven	0.0040			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 98

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0051	0.0038	1.3611	0.7347
	Duennndarm	0.1410	0.0165	8.5270	0.1173
	Eierstock	0.0060	0.0052	1.1513	0.8686
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0025	0.0000	undef
10	Gastrointestinal	0.1820	0.0093	19.6731	0.0508
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0145	0.0041	3.5562	0.2812
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0205	0.0000	undef
	Pankreas	0.0000	0.0718	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0044	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

35		FOETUS	
		%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0000	
	Gastrointestinal	0.0000	
	Gehirn	0.0000	
40	Haematopoetisch	0.0000	
	Haut	0.0000	
	Hepatisch	0.0000	
	Herz-Blutgefuesse	0.0036	
	Lunge	0.0000	
45	Nebenniere	0.0000	
	Niere	0.0000	
	Placenta	0.0000	
	Prostata	0.0000	
50	Sinnesorgane	0.0000	

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
		%Haeufigkeit	
	Brust	0.0340	
55	Eierstock_n	0.0000	
	Eierstock_t	0.0000	
	Endokrines_Gewebe	0.0000	
	Foetal	0.0000	
	Gastrointestinal	0.0366	
60	Haematopoetisch	0.0000	
	Haut-Muskel	0.0000	
	Hoden	0.0000	
	Lunge	0.0000	
	Nerven	0.0000	
65	Prostata	0.0000	
	Sinnesorgane	0.0000	
	Uterus_n	0.0000	

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 99

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0117	0.0128	0.9153	1.0926
	Brust	0.0026	0.0132	0.1944	5.1431
	Duenn darm	0.0215	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0120	0.0130	0.9210	1.0858
	Endokrines Gewebe	0.0085	0.0226	0.3774	2.6500
10	Gastrointestinal	0.0096	0.0093	1.0354	0.9658
	Gehirn	0.0133	0.0113	1.1781	0.8488
	Haematopoetisch	0.0094	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0194	0.0000	undef
15	Herz	0.0233	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0230	0.0117	1.9679	0.5082
	Lunge	0.0156	0.0184	0.8467	1.1810
	Magen-Speiserohre	0.0290	0.0077	3.7816	0.2644
	Muskel-Skelett	0.0188	0.0240	0.7853	1.2735
20	Niere	0.0217	0.0274	0.7930	1.2610
	Pankreas	0.0033	0.0442	0.0748	13.3713
	Penis	0.0060	0.0267	0.2246	4.4517
	Prostata	0.0109	0.0213	0.5118	1.9538
	Uterus_Endometrium	0.0135	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0255	0.0954	0.2669	3.7471
	Brust-Hyperplasie	0.0128			
	Prostata-Hyperplasie	0.0149			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0043			
	Zervix	0.0106			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0056			
	Gehirn	0.0063			
40	Haematopoetisch	0.0157			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0178			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0507			
	Niere	0.0185			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0136			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0076			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0097			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0040			
65	Prostata	0.0137			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0125			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 100

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Brust	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Duennndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0060	0.0026	2.3025	0.4343
	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0046	0.0000	undef
	Gehirn	0.0015	0.0041	0.3600	2.7779
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0021	0.0137	0.1542	6.4853
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0031	0.0041	0.7621	1.3122
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0017	0.0166	0.0997	10.0285
	Penis	0.0030	0.0267	0.1123	8.9035
	Prostata	0.0022	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0108			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0121			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0006			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0010			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 101

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Duennndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0050	0.3396	2.9444
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0046	0.0000	undef
	Gehirn	0.0022	0.0021	1.0799	0.9260
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0110	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef
	Lunge	0.0031	0.0041	0.7621	1.3122
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0054	0.0068	0.7930	1.2610
	Pankreas	0.0017	0.0166	0.0997	10.0285
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0021	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0152	0.0068	2.2445	0.4455
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0017			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0056			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0260			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0126			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0051			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0006			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0042			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 102

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0051	0.7627	1.3111
	Brust	0.0013	0.0094	0.1361	7.3472
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0030	0.0026	1.1513	0.8686
	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0100	0.1698	5.8889
10	Gastrointestinal	0.0134	0.0093	1.4496	0.6898
	Gehirn	0.0044	0.0062	0.7200	1.3890
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0053	0.0412	0.1285	7.7824
	Hoden	0.0058	0.0117	0.4920	2.0326
	Lunge	0.0052	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0069	0.0060	1.1422	0.8755
20	Niere	0.0027	0.0068	0.3965	2.5219
	Pankreas	0.0017	0.0221	0.0748	13.3713
	Penis	0.0090	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0087	0.0085	1.0236	0.9769
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1583	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0152	0.0204	0.7482	1.3366
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0035			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0063			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0072			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0182			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0051			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0012			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0030			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0042			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 103

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0038	0.0000	undef	0.0000
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0010	0.0000	undef
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefasse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 104

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase 0.0195	0.0102	1.9068	0.5244
	Brust 0.0038	0.0056	0.6805	1.4694
	Duennndarm 0.0092	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock 0.0030	0.0052	0.5756	1.7372
	Endokrines_Gewebe 0.0119	0.0075	1.5849	0.6309
10	Gastrointestinal 0.0000	0.0185	0.0000	undef
	Gehirn 0.0185	0.0072	2.5713	0.3889
	Haematopoetisch 0.0040	0.0379	0.1059	9.4460
	Haut 0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch 0.0048	0.0129	0.3676	2.7200
15	Herz 0.0127	0.0137	0.9252	1.0809
	Hoden 0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge 0.0031	0.0102	0.3048	3.2806
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett 0.0000	0.0180	0.0000	undef
20	Niere 0.0027	0.0274	0.0991	10.0878
	Pankreas 0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis 0.0090	0.0000	undef	0.0000
	Prostata 0.0022	0.0043	0.5118	1.9538
	Uterus_Endometrium 0.0000	0.0528	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium 0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Uterus_allgemein 0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie 0.0096			
	Prostata-Hyperplasie 0.0089			
	Samenblase 0.0000			
30	Sinnesorgane 0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0104			
	Zervix 0.0106			
35	FOETUS			
	%Haeufigkeit			
	Entwicklung 0.0139			
	Gastrointestinal 0.0111			
	Gehirn 0.0063			
40	Haematopoetisch 0.0039			
	Haut 0.0000			
	Hepatisch 0.0000			
	Herz-Blutgefuesse 0.0107			
	Lunge 0.0108			
45	Nebenniere 0.0507			
	Niere 0.0000			
	Placenta 0.0121			
	Prostata 0.0249			
50	Sinnesorgane 0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
	%Haeufigkeit			
	Brust 0.0068			
55	Eierstock_n 0.0000			
	Eierstock_t 0.0000			
	Endokrines_Gewebe 0.0000			
	Foetal 0.0035			
	Gastrointestinal 0.0000			
60	Haematopoetisch 0.0057			
	Haut-Muskel 0.0194			
	Hoden 0.0231			
	Lunge 0.0082			
	Nerven 0.0161			
65	Prostata 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0464			
	Uterus_n 0.0042			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 105

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust	0.0026	0.0056	0.4537	2.2042
	Duenn darm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0030	0.0104	0.2878	3.4745
	Endokrines Gewebe	0.0034	0.0050	0.6792	1.4722
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0046	0.0000	undef
	Gehirn	0.0081	0.0031	2.6399	0.3788
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0073	0.0847	0.0866	11.5419
	Hepatisch	0.0048	0.0065	0.7353	1.3600
15	Herz	0.0064	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0031	0.0123	0.2540	3.9367
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0081	0.0205	0.3965	2.5219
	Pankreas	0.0017	0.0166	0.0997	10.0285
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0044	0.0106	0.4095	2.4423
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0089			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0063			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0107			
	Lunge	0.0072			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0456			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0093			
	Gastrointestinal	0.0122			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0194			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0164			
	Nerven	0.0070			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0077			
	Uterus_n	0.0167			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 106

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust	0.0000	0.0019	0.0000	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0021	0.0020	1.0161	0.9842
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0022	0.0021	1.0236	0.9769
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0023			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0399			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0154			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 107

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust	0.0013	0.0019	0.6805	1.4694
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines Gewebe	0.0000	0.0050	0.0000	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0031	0.0000	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
15	Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0017	0.0331	0.0499	20.0570
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0065	0.0213	0.3071	3.2564
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0089			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0106			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0137			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0083			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 108

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Duennndarm	0.0123	0.0165	0.7415	1.3487
	Eierstock	0.0000	0.0052	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0187	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0057	0.0093	0.6213	1.6096
	Gehirn	0.0022	0.0103	0.2160	4.6299
	Haematopoetisch	0.0080	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0095	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0102	0.0000	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0153	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0163	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0017	0.0166	0.0997	10.0285
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0022	0.0106	0.2047	4.8846
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0089			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0035			
	Zervix	0.0000			

35	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
40	Haematopoetisch	0.0039
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0260
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0036
45	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0062
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
50	Sinnesorgane	0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
	Brust	0.0068
55	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0087
	Gastrointestinal	0.0000
60	Haematopoetisch	0.0114
	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0050
65	Prostata	0.0137
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0042

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 109

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0078	0.0026	3.0509	0.3278
	Brust	0.0090	0.0075	1.1909	0.8397
	Duenn darm	0.0092	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0050	0.0000	undef
10	Gastrointestinal	0.0038	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0044	0.0113	0.3927	2.5464
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0095	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0083	0.0020	4.0643	0.2460
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0060	0.0000	undef
20	Niere	0.0109	0.0205	0.5287	1.8915
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0085	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0152	0.0068	2.2445	0.4455
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0089			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0056			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0249			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0408			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0023			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0020			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 110

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0128	0.3051	3.2777
	Brust	0.0051	0.0132	0.3889	2.5715
	Duenn darm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0060	0.0104	0.5756	1.7372
	Endokrines Gewebe	0.0000	0.0025	0.0000	undef
10	Gastrointestinal	0.0038	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0089	0.0133	0.6646	1.5047
	Haematopoetisch	0.0120	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0110	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0065	0.7353	1.3600
15	Herz	0.0138	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0230	0.0117	1.9679	0.5082
	Lunge	0.0145	0.0041	3.5562	0.2812
	Magen-Speiserohre	0.0290	0.0230	1.2605	0.7933
	Muskel-Skelett	0.0103	0.0060	1.7133	0.5837
20	Niere	0.0081	0.0068	1.1896	0.8406
	Pankreas	0.0017	0.0166	0.0997	10.0285
	Penis	0.0240	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0044	0.0064	0.6824	1.4654
	Uterus_Endometrium	0.0270	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0305	0.0068	4.4891	0.2228
	Uterus_allgemein	0.0153	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0096			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026			
	Zervix	0.0319			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0278			
	Gastrointestinal	0.0056			
	Gehirn	0.0313			
40	Haematopoetisch	0.0157			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0145			
45	Nebenniere	0.0254			
	Niere	0.0309			
	Placenta	0.0121			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0748			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0023			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0080			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 111

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenn darm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0093	0.0000	undef
	Gehirn	0.0000	0.0010	0.0000	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0020	0.0000	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0221	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0021	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0072			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0029			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0154			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0083			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 112

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0007	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0060	0.0000	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0044	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0254			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0012			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0010			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 113

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust	0.0026	0.0038	0.6805	1.4694
	Duenn darm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0090	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0051	0.0075	0.6792	1.4722
10	Gastrointestinal	0.0038	0.0093	0.4142	2.4145
	Gehirn	0.0052	0.0051	1.0079	0.9921
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0031	0.0020	1.5241	0.6561
	Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0077	1.2605	0.7933
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0017	0.0276	0.0598	16.7142
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0022	0.0064	0.3412	2.9308
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0017			
	Zervix	0.0213			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0083			
	Gehirn	0.0063			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0023			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0114			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0010			
65	Prostata	0.0274			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 114

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0078	0.0026	3.0509	0.3278
	Brust	0.0013	0.0056	0.2268	4.4083
	Duenn darm	0.0031	0.0165	0.1854	5.3946
	Eierstock	0.0090	0.0078	1.1513	0.8686
	Endokrines_Gewebe	0.0085	0.0201	0.4245	2.3555
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0046	0.4142	2.4145
	Gehirn	0.0244	0.0092	2.6399	0.3788
	Haematopoetisch	0.0013	0.0379	0.0353	28.3379
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0042	0.0137	0.3084	3.2426
	Hoden	0.0403	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0083	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0069	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0054	0.0068	0.7930	1.2610
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0120	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0087	0.0085	1.0236	0.9769
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0052			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0139			
	Gehirn	0.0125			
40	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0108			
45	Nebenniere	0.0254			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0753			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0122			
	Gastrointestinal	0.0488			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0194			
	Hoden	0.0386			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0221			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0042			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 115

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0077	0.0038	2.0416	0.4898
	Duennndarm	0.0123	0.0165	0.7415	1.3487
	Eierstock	0.0120	0.0208	0.5756	1.7372
	Endokrines_Gewebe	0.0085	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0134	0.0139	0.9664	1.0348
	Gehirn	0.0059	0.0113	0.5236	1.9098
	Haematopoetisch	0.0080	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0065	0.7353	1.3600
15	Herz	0.0117	0.0275	0.4240	2.3583
	Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef
	Lunge	0.0104	0.0143	0.7258	1.3779
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0230	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0120	0.1428	7.0040
20	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0017	0.0166	0.0997	10.0285
	Penis	0.0120	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0174	0.0043	4.0945	0.2442
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0136	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0096			
	Prostata-Hyperplasie	0.0089			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0035			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0056			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0178			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0249			
50	Sinnesorgane	0.0251			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0023			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0164			
	Nerven	0.0050			
65	Prostata	0.0205			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0042			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 116

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0078	0.0051	1.5254	0.6555
	Brust	0.0064	0.0038	1.7013	0.5878
	Duenn darm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0068	0.0075	0.9057	1.1042
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0030	0.0062	0.4800	2.0835
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0069	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0027	0.0068	0.3965	2.5219
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0056			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0260			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0121			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0099			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0065			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0070			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0083			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 117

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.0078		0.0128		0.6102	1.6389
	Brust	0.0038		0.0169		0.2268	4.4083
	Duennndarm	0.0031		0.0165		0.1854	5.3946
	Eierstock	0.0060		0.0078		0.7675	1.3029
	Endokrines_Gewebe	0.0051		0.0075		0.6792	1.4722
10	Gastrointestinal	0.0038		0.0046		0.8283	1.2072
	Gehirn	0.0022		0.0051		0.4320	2.3149
	Haematopoetisch	0.0053		0.0000		undef	0.0000
	Haut	0.0000		0.0000		undef	undef
	Hepatisch	0.0000		0.0000		undef	undef
15	Herz	0.0021		0.0000		undef	0.0000
	Hoden	0.0000		0.0000		undef	undef
	Lunge	0.0042		0.0020		2.0321	0.4921
	Magen-Speiserohre	0.0097		0.0000		undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0069		0.0120		0.5711	1.7510
20	Niere	0.0027		0.0000		undef	0.0000
	Pankreas	0.0017		0.0221		0.0748	13.3713
	Penis	0.0000		0.0000		undef	undef
	Prostata	0.0065		0.0043		1.5354	0.6513
	Uterus_Endometrium	0.0000		0.0000		undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000		0.0136		0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0102		0.0000		undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0064					
	Prostata-Hyperplasie	0.0059					
	Samenblase	0.0000					
30	Sinnesorgane	0.0000					
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000					
	Zervix	0.0000					
35	FOETUS						
	%Haeufigkeit						
	Entwicklung	0.0000					
	Gastrointestinal	0.0028					
	Gehirn	0.0000					
40	Haematopoetisch	0.0000					
	Haut	0.0000					
	Hepatisch	0.0000					
	Herz-Blutgefuesse	0.0107					
	Lunge	0.0036					
45	Nebenniere	0.0000					
	Niere	0.0000					
	Placenta	0.0000					
	Prostata	0.0249					
	Sinnesorgane	0.0251					
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN						
	%Haeufigkeit						
	Brust	0.0136					
55	Eierstock_n	0.1595					
	Eierstock_t	0.0152					
	Endokrines_Gewebe	0.0000					
	Foetal	0.0058					
	Gastrointestinal	0.0244					
60	Haematopoetisch	0.0171					
	Haut-Muskel	0.0000					
	Hoden	0.0000					
	Lunge	0.0328					
	Nerven	0.0080					
65	Prostata	0.0274					
	Sinnesorgane	0.0000					
	Uterus_n	0.0083					

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 118

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0117	0.0051	2.2882	0.4370
	Brust	0.0051	0.0094	0.5444	1.8368
	Duennndarm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0030	0.0026	1.1513	0.8686
	Endokrines_Gewebe	0.0068	0.0050	1.3585	0.7361
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0052	0.0031	1.6799	0.5953
	Haematopoetisch	0.0067	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0147	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0095	0.0065	1.4706	0.6800
15	Herz	0.0138	0.0137	1.0023	0.9977
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0042	0.0123	0.3387	2.9526
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0060	0.2856	3.5020
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0044	0.0021	2.0473	0.4885
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0102	0.1908	0.0534	18.7357
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0083			
	Gehirn	0.0125			
40	Haematopoetisch	0.0079			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0136			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0203			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0087			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0065			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0080			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 119

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0013	0.0019	0.6805	1.4694
	Duenn darm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0030	0.0026	1.1513	0.8686
	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0100	0.1698	5.8889
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0059	0.0021	2.8798	0.3472
	Haematopoetisch	0.0053	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
15	Herz	0.0064	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0031	0.0041	0.7621	1.3122
	Magen-Speiseroehre	0.0193	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0051	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0000	0.0205	0.0000	undef
	Pankreas	0.0000	0.0221	0.0000	undef
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0065	0.0021	3.0709	0.3256
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0068	1.1223	0.8911
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0096			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0063			
40	Haematopoetisch	0.0118			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0072			
45	Nebenniere	0.0254			
	Niere	0.0124			
	Placenta	0.0121			
	Prostata	0.0249			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0051			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0041			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0032			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0040			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0208			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 120

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0078	0.0051	1.5254	0.6555
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenn darm	0.0092	0.0165	0.5561	1.7982
	Eierstock	0.0030	0.0026	1.1513	0.8686
	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0025	1.3585	0.7361
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0093	0.0000	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0095	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0117	0.4920	2.0326
	Lunge	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0054	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0060	0.0533	0.1123	8.9035
	Prostata	0.0065	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0153	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0035			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0063			
40	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0072			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0126			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0136			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0163			
	Gastrointestinal	0.0244			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0194			
	Hoden	0.0154			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0080			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0250			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 123

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0117	0.0026	4.5763	0.2185
	Brust	0.0205	0.0075	2.7221	0.3674
	Duennndarm	0.0031	0.0165	0.1854	5.3946
	Eierstock	0.0210	0.0026	8.0588	0.1241
	Endokrines_Gewebe	0.0085	0.0125	0.6792	1.4722
10	Gastrointestinal	0.0096	0.0046	2.0708	0.4829
	Gehirn	0.0037	0.0021	1.7999	0.5556
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0106	0.0137	0.7710	1.2971
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0073	0.0082	0.8891	1.1248
	Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0077	1.2605	0.7933
	Muskel-Skelett	0.0120	0.0360	0.3331	3.0017
20	Niere	0.0054	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0017	0.0276	0.0598	16.7142
	Penis	0.0120	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0044	0.0064	0.6824	1.4654
	Uterus_Endometrium	0.0135	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0118			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0108			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0499			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0952			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0051			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0064			
	Gastrointestinal	0.0122			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0194			
	Hoden	0.0154			
	Lunge	0.0246			
	Nerven	0.0010			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0125			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 124

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0102	0.0000	undef
	Brust	0.0038	0.0019	2.0416	0.4898
	Duennndarm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0120	0.0052	2.3025	0.4343
	Endokrines_Gewebe	0.0068	0.0100	0.6792	1.4722
10	Gastrointestinal	0.0096	0.0139	0.6903	1.4487
	Gehirn	0.0052	0.0031	1.6799	0.5953
	Haematopoetisch	0.0040	0.0379	0.1059	9.4460
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0032	0.0137	0.2313	4.3235
	Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef
	Lunge	0.0062	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0153	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0153	0.0085	1.7913	0.5582
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0255	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0113			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0083			
	Gehirn	0.0063			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0254			
	Niere	0.0309			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0203			
	Endokrines_Gewebe	0.0490			
	Foetal	0.0017			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0040			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 125

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust	0.0013	0.0038	0.3403	2.9389
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0030	0.0026	1.1513	0.8686
	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0046	0.0000	undef
	Gehirn	0.0030	0.0010	2.8798	0.3472
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0000	0.0041	0.0000	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0027	0.0205	0.1322	7.5658
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0106	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0063			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0107			
	Lunge	0.0072			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0152			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0017			
	Gastrointestinal	0.0122			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0032			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0164			
	Nerven	0.0010			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0042			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 126

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust	0.0051	0.0038	1.3611	0.7347
	Duenn darm	0.0031	0.0496	0.0618	16.1839
	Eierstock	0.0030	0.0026	1.1513	0.8686
	Endokrines_Gewebe	0.0085	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0046	0.4142	2.4145
	Gehirn	0.0059	0.0113	0.5236	1.9098
	Haematopoetisch	0.0040	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0073	0.0041	1.7781	0.5624
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0120	0.0000	undef
20	Niere	0.0109	0.0068	1.5861	0.6305
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0022	0.0021	1.0236	0.9769
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0528	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0068	1.1223	0.8911
	Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0089			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0043			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0063			
40	Haematopoetisch	0.0079			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0121			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0126			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0203			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0029			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0114			
	Haut-Muskel	0.0130			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0100			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 127

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0019	0.0000	undef
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0007	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
30	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
35	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
40	FOETUS				
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
45	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
50	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
55	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
60	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
65	Eierstock_t	0.0304			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0052			
	Gastrointestinal	0.0122			
70	Haematopoetisch	0.0114			
	Haut-Muskel	0.0194			
	Hoden	0.0154			
	Lunge	0.0000			
75	Nerven	0.0050			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0167			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 128

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0019	0.0000	undef
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Endokrines Gewebe	0.0017	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0022	0.0031	0.7200	1.3890
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
15	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0042	0.0020	2.0321	0.4921
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0017	0.0276	0.0598	16.7142
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0079			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefasse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0012			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0097			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 129

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0019	0.0000	undef
	Duenn darm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0010	0.0000	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0020	0.0000	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0054	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 130

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust	0.0000	0.0038	0.0000	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0030	0.0052	0.5756	1.7372
	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0025	0.6792	1.4722
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0046	0.4142	2.4145
	Gehirn	0.0030	0.0021	1.4399	0.6945
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0021	0.0137	0.1542	6.4853
	Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef
	Lunge	0.0010	0.0041	0.2540	3.9367
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0060	0.0000	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0063			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0006			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 131

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 132

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0019	0.0000	undef
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0025	0.0000	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0010	0.0000	undef
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0081	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0249			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0012			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 133

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 134

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 135

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 136

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0026	1.5254	0.6555
	Brust	0.0115	0.0094	1.2250	0.8164
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0090	0.0052	1.7269	0.5791
	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0025	0.6792	1.4722
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0037	0.0113	0.3273	3.0557
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0220	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0148	0.0275	0.5397	1.8529
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0135	0.0041	3.3022	0.3028
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0051	0.0240	0.2142	4.6693
20	Niere	0.0109	0.0068	1.5861	0.6305
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0269	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0022	0.0128	0.1706	5.8615
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0305	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0124			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0152			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0041			
	Gastrointestinal	0.0122			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0083			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 137

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0025	1.3585	0.7361
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0093	0.0000	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0010	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0060	0.0000	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0012			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 138

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0026	0.0000	undef	0.0000
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0025	0.0000	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0046	0.0000	undef
	Gehirn	0.0007	0.0021	0.3600	2.7779
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0000	0.0020	0.0000	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0267	0.0000	undef
	Prostata	0.0022	0.0043	0.5118	1.9538
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0006			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0077			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0010			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 139

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Duenndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0025	0.0000	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0021	0.0000	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0020	0.0000	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			

35		FOETUS	
		%Haeufigkeit.	
	Entwicklung	0.0000	
	Gastrointestinal	0.0000	
	Gehirn	0.0125	
40	Haematopoetisch	0.0000	
	Haut	0.0000	
	Hepatisch	0.0000	
	Herz-Blutgefuesse	0.0000	
	Lunge	0.0000	
45	Nebenniere	0.0000	
	Niere	0.0000	
	Placenta	0.0000	
	Prostata	0.0000	
50	Sinnesorgane	0.0000	

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
		%Haeufigkeit	
	Brust	0.0000	
55	Eierstock_n	0.0000	
	Eierstock_t	0.0051	
	Endokrines_Gewebe	0.0000	
	Foetal	0.0012	
	Gastrointestinal	0.0000	
60	Haematopoetisch	0.0000	
	Haut-Muskel	0.0032	
	Hoden	0.0000	
	Lunge	0.0000	
	Nerven	0.0020	
65	Prostata	0.0000	
	Sinnesorgane	0.0000	
	Uterus_n	0.0042	

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 140

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 142

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0090	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0030	0.0010	2.8798	0.3472
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Pankreas	0.0000	0.0221	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0152	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0068			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0101			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0029			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0020			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0083			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 143

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0060	0.0000	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 144

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000		undef	undef
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 145

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0078	0.0153	0.5085	1.9666
	Brust	0.0090	0.0038	2.3818	0.4198
	Duennndarm	0.0092	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0060	0.0026	2.3025	0.4343
	Endokrines_Gewebe	0.0136	0.0301	0.4528	2.2083
10	Gastrointestinal	0.0115	0.0139	0.8283	1.2072
	Gehirn	0.0214	0.0288	0.7457	1.3411
	Haematopoetisch	0.0040	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0110	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0095	0.0065	1.4706	0.6800
15	Herz	0.0201	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0234	0.0000	undef
	Lunge	0.0156	0.0123	1.2701	0.7873
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0153	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0069	0.0060	1.1422	0.8755
20	Niere	0.0081	0.0137	0.5948	1.6813
	Pankreas	0.0017	0.0331	0.0499	20.0570
	Penis	0.0120	0.0267	0.4493	2.2259
	Prostata	0.0196	0.0106	1.8425	0.5427
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0340	0.2245	4.4553
	Uterus_allgemein	0.0255	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0128			
	Prostata-Hyperplasie	0.0149			
	Samenblase	0.0267			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0438			
40	Haematopoetisch	0.0079			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0071			
	Lunge	0.0072			
45	Nebenniere	0.0507			
	Niere	0.0185			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0499			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0068			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0017			
	Gastrointestinal	0.0122			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0162			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0060			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0083			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 146

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0051	0.7627	1.3111
	Brust	0.0090	0.0075	1.1909	0.8397
	Duenn darm	0.0031	0.0331	0.0927	10.7893
	Eierstock	0.0060	0.0182	0.3289	3.0402
	Endokrines_Gewebe	0.0119	0.0176	0.6792	1.4722
10	Gastrointestinal	0.0115	0.0046	2.4850	0.4024
	Gehirn	0.0074	0.0041	1.7999	0.5556
	Haematopoetisch	0.0040	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0129	0.0000	undef
15	Herz	0.0074	0.0137	0.5397	1.8529
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0062	0.0020	3.0482	0.3281
	Magen-Speiserohre	0.0193	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0060	0.5711	1.7510
20	Niere	0.0109	0.0137	0.7930	1.2610
	Pankreas	0.0017	0.0166	0.0997	10.0285
	Penis	0.0060	0.0267	0.2246	4.4517
	Prostata	0.0087	0.0128	0.6824	1.4654
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0089			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0078			
	Zervix	0.0213			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0278			
	Gastrointestinal	0.0056			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0079			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0072			
45	Nebenniere	0.0254			
	Niere	0.0185			
	Placenta	0.0182			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0126			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0136			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0203			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0204			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0114			
	Haut-Muskel	0.0194			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0100			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0155			
	Uterus_n	0.0083			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 147

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0156	0.0102	1.5254	0.6555
	Brust	0.0153	0.0188	0.8166	1.2245
	Duenn darm	0.0031	0.0331	0.0927	10.7893
	Eierstock	0.0090	0.0026	3.4538	0.2895
10	Endokrines_Gewebe	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Gastrointestinal	0.0096	0.0093	1.0354	0.9658
	Gehirn	0.0096	0.0164	0.5850	1.7095
	Haematopoetisch	0.0187	0.0000	undef	0.0000
15	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0095	0.0065	1.4706	0.6800
	Herz	0.0117	0.0137	0.8481	1.1791
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
20	Lunge	0.0125	0.0102	1.2193	0.8202
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0460	0.2101	4.7599
	Muskel-Skelett	0.0069	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0081	0.0137	0.5948	1.6813
25	Pankreas	0.0017	0.0331	0.0499	20.0570
	Penis	0.0030	0.0267	0.1123	8.9035
	Prostata	0.0065	0.0064	1.0236	0.9769
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
30	Uterus_Myometrium	0.0229	0.0136	1.6834	0.5940
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0954	0.0534	18.7357
	Brust-Hyperplasie	0.0128			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
35	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0234			
	Zervix	0.0213			
40		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0250			
45	Gehirn	0.0313			
	Haematopoetisch	0.0157			
	Haut	0.2513			
	Hepatisch	0.0000			
50	Herz-Blutgefuesse	0.0071			
	Lunge	0.0036			
	Nebenniere	0.0507			
	Niere	0.0062			
55	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
60		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0272			
	Eierstock_n	0.0000			
65	Eierstock_t	0.0203			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0099			
	Gastrointestinal	0.0244			
70	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0130			
	Hoden	0.0231			
	Lunge	0.0000			
75	Nerven	0.0090			
	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0125			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 148

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0153	0.0000	undef
	Brust	0.0038	0.0038	1.0208	0.9796
	Duenn darm	0.0092	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0050	0.0000	undef
10	Gastrointestinal	0.0057	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0015	0.0082	0.1800	5.5559
	Haematopoetisch	0.0147	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0194	0.0000	undef
15	Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0104	0.0102	1.0161	0.9842
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0054	0.0411	0.1322	7.5658
	Pankreas	0.0000	0.0221	0.0000	undef
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0022	0.0021	1.0236	0.9769
	Uterus_Endometrium	0.0203	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 149

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0507	0.0256	1.9831	0.5043
	Brust	0.0281	0.0263	1.0694	0.9351
	Duenn darm	0.0368	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0300	0.0104	2.8781	0.3474
	Endokrines_Gewebe	0.0153	0.0100	1.5283	0.6543
10	Gastrointestinal	0.0115	0.0278	0.4142	2.4145
	Gehirn	0.0192	0.0359	0.5348	1.8698
	Haematopoetisch	0.0321	0.0379	0.8469	1.1807
	Haut	0.0220	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0194	0.2451	4.0800
15	Herz	0.0350	0.0962	0.3635	2.7513
	Hoden	0.0230	0.0234	0.9839	1.0163
	Lunge	0.0291	0.0245	1.1854	0.8436
	Magen-Speiserohre	0.0387	0.0690	0.5602	1.7850
	Muskel-Skelett	0.0343	0.0600	0.5711	1.7510
20	Niere	0.0190	0.0068	2.7756	0.3603
	Pankreas	0.0050	0.0994	0.0499	20.0570
	Penis	0.0269	0.0800	0.3369	2.9678
	Prostata	0.0174	0.0149	1.1699	0.8548
	Uterus_Endometrium	0.0203	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0457	0.0068	6.7336	0.1485
	Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0160			
	Prostata-Hyperplasie	0.0208			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0353			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0468			
	Zervix	0.0319			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0278			
	Gastrointestinal	0.0333			
	Gehirn	0.0375			
40	Haematopoetisch	0.0236			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0107			
	Lunge	0.0397			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0247			
	Placenta	0.0727			
	Prostata	0.0249			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0476			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0203			
	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0076			
	Gastrointestinal	0.0244			
60	Haematopoetisch	0.0114			
	Haut-Muskel	0.0259			
	Hoden	0.0309			
	Lunge	0.0164			
	Nerven	0.0120			
65	Prostata	0.0137			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0375			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 151

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0546	0.0281	1.9415	0.5151
	Brust	0.0550	0.0263	2.0902	0.4784
	Duennndarm	0.0368	0.0331	1.1122	0.8991
	Eierstock	0.0329	0.0338	0.9741	1.0265
	Endokrines_Gewebe	0.0085	0.0050	1.6981	0.5889
10	Gastrointestinal	0.0536	0.0139	3.8656	0.2587
	Gehirn	0.0222	0.0308	0.7200	1.3890
	Haematopoetisch	0.0147	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0808	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0129	0.3676	2.7200
15	Herz	0.0286	0.0275	1.0408	0.9608
	Hoden	0.0288	0.0351	0.8200	1.2196
	Lunge	0.0395	0.0164	2.4132	0.4144
	Magen-Speiseroehre	0.0870	0.0077	11.3448	0.0881
	Muskel-Skelett	0.0531	0.0420	1.2646	0.7908
20	Niere	0.0244	0.0548	0.4461	2.2417
	Pankreas	0.0033	0.0221	0.1496	6.6857
	Penis	0.0569	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0283	0.0255	1.1089	0.9018
	Uterus_Endometrium	0.0338	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0305	0.0272	1.1223	0.8911
	Uterus_allgemein	0.0764	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0799			
	Prostata-Hyperplasie	0.0327			
	Samenblase	0.0445			
30	Sinnesorgane	0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0139			
	Zervix	0.0958			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0194			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0107			
	Lunge	0.0108			
45	Nebenniere	0.0254			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0242			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
55	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0136			
	Eierstock_n	0.3190			
	Eierstock_t	0.0051			
60	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0111			
	Gastrointestinal	0.0244			
	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0032			
65	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0328			
	Nerven	0.0030			
	Prostata	0.0479			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0208			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 153

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0195	0.0690	0.2825	3.5400
	Brust	0.0179	0.0320	0.5604	1.7843
	Duenn darm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0150	0.0130	1.1513	0.8686
	Endokrines Gewebe	0.0085	0.0100	0.8491	1.1778
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0093	0.2071	4.8289
	Gehirn	0.0081	0.0442	0.1842	5.4296
	Haematopoetisch	0.0187	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0238	0.0194	1.2255	0.8160
15	Herz	0.0625	0.1649	0.3791	2.6381
	Hoden	0.0403	0.0117	3.4438	0.2904
	Lunge	0.0343	0.0286	1.1975	0.8351
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0307	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0668	0.1200	0.5568	1.7959
20	Niere	0.0190	0.0342	0.5551	1.8014
	Pankreas	0.0050	0.1160	0.0427	23.3998
	Penis	0.0329	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0131	0.0170	0.7677	1.3026
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0528	0.1280	7.8106
25	Uterus_Myometrium	0.0457	0.0204	2.2445	0.4455
	Uterus_allgemein	0.0357	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0208			
	Samenblase	0.0356			
30	Sinnesorgane	0.0588			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0319			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0167			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0118			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0520			
	Herz-Blutgefuesse	0.0107			
	Lunge	0.0325			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0494			
	Placenta	0.0909			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0340			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0203			
	Endokrines Gewebe	0.0490			
	Foetal	0.0309			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0154			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0030			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 154

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0156	0.0230	0.6780	1.4750
	Brust	0.0256	0.0263	0.9722	1.0286
	Duenn darm	0.0184	0.0331	0.5561	1.7982
	Eierstock	0.0150	0.0208	0.7195	1.3898
	Endokrines_Gewebe	0.0238	0.0176	1.3585	0.7361
10	Gastrointestinal	0.0268	0.0185	1.4496	0.6898
	Gehirn	0.0126	0.0205	0.6120	1.6341
	Haematopoetisch	0.0174	0.0379	0.4587	2.1798
	Haut	0.0147	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0194	0.2451	4.0800
15	Herz	0.0085	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0288	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0156	0.0123	1.2701	0.7873
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0307	0.3151	3.1733
	Muskel-Skelett	0.0051	0.0180	0.2856	3.5020
20	Niere	0.0163	0.0137	1.1896	0.8406
	Pankreas	0.0000	0.0497	0.0000	undef
	Penis	0.0180	0.0267	0.6739	1.4839
	Prostata	0.0196	0.0277	0.7087	1.4111
	Uterus_Endometrium	0.0270	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0305	0.0136	2.2445	0.4455
	Uterus_allgemein	0.0509	0.0954	0.5337	1.8736
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0238			
	Samenblase	0.0267			
30	Sinnesorgane	0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0043			
	Zervix	0.0319			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0079			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0072			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0364			
	Prostata	0.0249			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0272			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.1772			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0058			
	Gastrointestinal	0.0244			
60	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0065			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0020			
65	Prostata	0.0274			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0042			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 155

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0051	0.0000	undef
	Brust	0.0038	0.0019	2.0416	0.4898
	Duenn darm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0075	0.2264	4.4166
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0015	0.0051	0.2880	3.4724
	Haematopoetisch	0.0067	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0077	1.2605	0.7933
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0022	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0043			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0071			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0204			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0152			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0052			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0032			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0040			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0155			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 156

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0195	0.0102	1.9068	0.5244
	Brust	0.0038	0.0113	0.3403	2.9389
	Duennndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0060	0.0208	0.2878	3.4745
	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0025	0.6792	1.4722
10	Gastrointestinal	0.0057	0.0139	0.4142	2.4145
	Gehirn	0.0096	0.0051	1.8719	0.5342
	Haematopoetisch	0.0053	0.0758	0.0706	14.1689
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0127	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0115	0.0234	0.4920	2.0326
	Lunge	0.0104	0.0123	0.8467	1.1810
	Magen-Speiserohre	0.0580	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0069	0.0180	0.3807	2.6265
20	Niere	0.0054	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0017	0.0221	0.0748	13.3713
	Penis	0.0060	0.0267	0.2246	4.4517
	Prostata	0.0087	0.0085	1.0236	0.9769
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0068	1.1223	0.8911
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0156			
	Zervix	0.0000			

35		FOETUS	
		%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0139	
	Gastrointestinal	0.0056	
	Gehirn	0.0000	
40	Haematopoetisch	0.0118	
	Haut	0.0000	
	Hepatisch	0.0000	
	Herz-Blutgefuesse	0.0178	
	Lunge	0.0036	
45	Nebenniere	0.0000	
	Niere	0.0124	
	Placenta	0.0000	
	Prostata	0.0000	
50	Sinnesorgane	0.0000	

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
		%Haeufigkeit	
	Brust	0.0000	
55	Eierstock_n	0.0000	
	Eierstock_t	0.0253	
	Endokrines_Gewebe	0.0000	
	Foetal	0.0041	
	Gastrointestinal	0.0488	
60	Haematopoetisch	0.0171	
	Haut-Muskel	0.0097	
	Hoden	0.0000	
	Lunge	0.0328	
	Nerven	0.0010	
65	Prostata	0.0205	
	Sinnesorgane	0.0000	
	Uterus_n	0.0291	

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 157

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Brust	0.0077	0.0132	0.5833	1.7144
	Duenn darm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0090	0.0156	0.5756	1.7372
	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0075	0.4528	2.2083
10	Gastrointestinal	0.0038	0.0046	0.8283	1.2072
	Gehirn	0.0103	0.0164	0.6300	1.5874
	Haematopoetisch	0.0040	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0148	0.0137	1.0794	0.9265
	Hoden	0.0058	0.0117	0.4920	2.0326
	Lunge	0.0021	0.0041	0.5080	1.9684
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0120	0.0060	1.9989	0.5003
20	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0033	0.0497	0.0665	15.0427
	Penis	0.0060	0.0800	0.0749	13.3552
	Prostata	0.0065	0.0043	1.5354	0.6513
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0136	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0119			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0052			
	Zervix	0.0106			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0188			
40	Haematopoetisch	0.0079			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0108			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0249			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0203			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0122			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0065			
	Hoden	0.0154			
	Lunge	0.0164			
	Nerven	0.0030			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 597

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0025	0.0000	undef	0.0000
	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0009	0.0042	0.2087	4.7908
	Dickdarm	0.0000	0.0057	0.0000	undef
	Duenndarm	0.0027	0.0000	undef	0.0000
10	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0010	0.0000	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0019	0.0018	1.0524	0.9502
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0221	0.0000	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	T_Lymphom	0.0000	0.0075	0.0000	undef
	Uterus	0.0015	0.0000	undef	0.0000
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0013			
	Penis	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
35	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
40	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
45	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
50	Brust	0.0136			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0152			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0012			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
60	Hoden_n	0.0000			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0000			
	Lunge_t	0.0000			
	Nerven	0.0010			
65	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0068			
	Prostata_n	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 598

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0075	0.0000	undef	0.0000
	Blase	0.0000	0.0023	0.0000	undef
	Brust	0.0097	0.0155	0.6262	1.5969
	Dickdarm	0.0134	0.0114	1.1774	0.8493
	Duenndarm	0.0082	0.0107	0.7730	1.2937
10	Eierstock	0.0000	0.0048	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0048	0.0053	0.9054	1.1045
	Gehirn	0.0046	0.0040	1.1605	0.8617
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0041	0.0275	0.1477	6.7715
	Hoden	0.0040	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0068	0.0037	1.8417	0.5430
	Magen-Speiserohre	0.0145	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0051	0.0037	1.3917	0.7186
20	Niere	0.0022	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Prostata	0.0273	0.0300	0.9123	1.0962
	T_Lymphom	0.0076	0.0224	0.3381	2.9576
	Uterus	0.0059	0.0092	0.6426	1.5563
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0068	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0067			
	Penis	0.0054			
	Samenblase	0.0070			
	Sinnesorgane	0.0000			
30		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
35	Gastrointestinal	0.0056			
	Gehirn	0.0063			
	Haematopoetisch	0.0079			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0107			
40	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0303			
	Prostata	0.0000			
45	Sinnesorgane	0.0251			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
50	Brust	0.0000			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0354			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0122			
	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0130			
60	Hoden_n	0.0042			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0098			
	Lunge_t	0.0000			
	Nerven	0.0030			
65	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0180			
	Prostata_n	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 599

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Blase	0.0078	0.0164	0.4741	2.1091
	Brust	0.0009	0.0000	undef	0.0000
	Dickdarm	0.0057	0.0000	undef	0.0000
	Duennndarm	0.0055	0.0000	undef	0.0000
10	Eierstock	0.0237	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0064	0.0035	1.8107	0.5523
	Gehirn	0.0029	0.0050	0.5803	1.7234
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0030	0.0137	0.2215	4.5144
	Hoden	0.0040	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0126	0.0018	6.8408	0.1462
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0256	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0000	0.0048	0.0000	undef
	Pankreas	0.0033	0.0331	0.0997	10.0282
	Prostata	0.0038	0.0000	undef	0.0000
	T_Lymphom	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus	0.0074	0.0000	undef	0.0000
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0027			
	Penis	0.0161			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
35	Gastrointestinal	0.0083			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0071			
40	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0121			
	Prostata	0.0000			
45	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
50	Brust	0.0204			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0051			
55	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0012			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0032			
60	Hoden_n	0.0209			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0000			
	Lunge_t	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0225			
	Prostata_n	0.0061			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 600

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0100	0.0136	0.7358	1.3590
	Blase	0.0039	0.0117	0.3319	3.0130
	Brust	0.0044	0.0014	3.1311	0.3194
	Dickdarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenndarm	0.0137	0.0000	undef	0.0000
10	Eierstock	0.0059	0.0024	2.4887	0.4018
	Endokrines_Gewebe	0.0032	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0052	0.0140	0.3730	2.6808
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0046	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0061	0.0137	0.4430	2.2572
	Hoden	0.0120	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0049	0.0111	0.4385	2.2804
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0064	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0103	0.0037	2.7833	0.3593
20	Niere	0.0067	0.0048	1.3927	0.7180
	Pankreas	0.0017	0.0387	0.0427	23.3992
	Prostata	0.0019	0.0013	1.4470	0.6911
	T_Lymphom	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Uterus	0.0059	0.0000	undef	0.0000
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0048	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0067			
	Penis	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0083			
35	Gehirn	0.0188			
	Haematopoetisch	0.0118			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0071			
40	Lunge	0.0108			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0124			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
45	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
50	Brust	0.0068			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0051			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0093			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0065			
60	Hoden_n	0.0084			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0000			
	Lunge_t	0.0000			
	Nerven	0.0070			
65	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0023			
	Prostata_n	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 601

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0000	0.0000	undef	undef
	Blase	0.0000	0.0023	0.0000	undef
	Brust	0.0009	0.0000	undef	0.0000
	Dickdarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenn darm	0.0027	0.0107	0.2577	3.8812
10	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0010	0.0000	undef
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0020	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0037	0.0000	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Prostata	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	T_Lymphom	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Uterus	0.0015	0.0000	undef	0.0000
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0013			
	Penis	0.0027			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
35	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefasse	0.0036			
40	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0249			
45	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
50	Brust	0.0000			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0051			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
60	Hoden_n	0.0000			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0000			
	Lunge_t	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0023			
	Prostata_n	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 602

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0000	0.0136	0.0000	undef
	Blase	0.0234	0.0047	4.9788	0.2009
	Brust	0.0070	0.0098	0.7157	1.3973
	Dickdarm	0.0057	0.0085	0.6728	1.4864
	Duenn darm	0.0110	0.0000	undef	0.0000
10	Eierstock	0.0059	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0032	0.0038	0.8479	1.1794
	Gehirn	0.0018	0.0020	0.9068	1.1028
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0046	0.0190	0.2441	4.0960
15	Herz	0.0081	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0040	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0068	0.0018	3.6834	0.2715
	Magen-Speiserohre	0.0072	0.0064	1.1333	0.8824
	Muskel-Skelett	0.0069	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0067	0.0096	0.6963	1.4362
	Pankreas	0.0033	0.0221	0.1496	6.6857
	Prostata	0.0094	0.0052	1.8088	0.5529
	T_Lymphom	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus	0.0093	0.0000	undef	0.0000
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0068	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000			
	Penis	0.0134			
	Samenblase	0.0070			
	Sinnesorgane	0.0118			
30		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0111			
35	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
40	Lunge	0.0145			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
45	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
50	Brust	0.0408			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.1595			
	Eierstock_t	0.0101			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0046			
	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0130			
60	Hoden_n	0.0125			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0098			
	Lunge_t	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0068			
	Prostata_n	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 603

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0000	0.0000	undef	undef
	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0141	0.0028	5.0097	0.1996
	Dickdarm	0.2491	0.0199	12.4946	0.0800
	Duenn darm	0.1949	0.5326	0.3659	2.7333
10	Eierstock	0.0059	0.0072	0.8296	1.2055
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0035	0.0000	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0110	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0381	0.0000	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0204	0.0055	3.6835	0.2715
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0064	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0022	0.0096	0.2321	4.3081
	Pankreas	0.0017	0.1105	0.0150	66.8548
	Prostata	0.0047	0.0000	undef	0.0000
	T_Lymphom	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus	0.0059	0.0000	undef	0.0000
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000			
	Penis	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0235			
30	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
35	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0071			
40	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
45	Sinnesorgane	0.0000			
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
%Haeufigkeit					
50	Brust	0.0340			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0610			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
60	Hoden_n	0.0000			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0098			
	Lunge_t	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0000			
	Prostata_n	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 604

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0025	0.0136	0.1840	5.4361
	Blase	0.0078	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0079	0.0028	2.8179	0.3549
	Dickdarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Eierstock	0.0030	0.0048	0.6222	1.6073
	Endokrines_Gewebe	0.0032	0.0053	0.6036	1.6568
	Gehirn	0.0058	0.0050	1.1605	0.8617
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0063	0.0000	undef
15	Herz	0.0020	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0029	0.0055	0.5262	1.9004
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0064	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0022	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0017	0.0166	0.0997	10.0282
	Prostata	0.0057	0.0078	0.7235	1.3821
	T_Lymphom	0.0025	0.0000	undef	0.0000
	Uterus	0.0059	0.0000	undef	0.0000
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0041	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0013			
	Penis	0.0054			
	Samenblase	0.0070			
	Sinnesorgane	0.0000			
30		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
35	Gehirn	0.0250			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
40	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
45	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
50	Brust	0.0340			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0152			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0023			
	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0257			
	Haut-Muskel	0.0000			
60	Hoden_n	0.0000			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0098			
	Lunge_t	0.0000			
	Nerven	0.0121			
65	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0068			
	Prostata_n	0.0121			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 605

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0400	0.0000	undef	0.0000
	Blase	0.0078	0.0329	0.2371	4.2182
	Brust	0.0141	0.0197	0.7157	1.3973
	Dickdarm	0.0345	0.0171	2.0184	0.4955
	Duenndarm	0.0384	0.0320	1.2024	0.8317
10	Eierstock	0.0089	0.0215	0.4148	2.4109
	Endokrines_Gewebe	0.0273	0.0319	0.8551	1.1695
	Gehirn	0.0312	0.0299	1.0445	0.9574
	Haut	0.0147	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0139	0.0317	0.4395	2.2755
15	Herz	0.0203	0.0275	0.7384	1.3543
	Hoden	0.0361	0.0710	0.5089	1.9650
	Lunge	0.0126	0.0351	0.3600	2.7775
	Magen-Speiseroehre	0.0217	0.0384	0.5668	1.7644
	Muskel-Skelett	0.0428	0.0185	2.3194	0.4311
20	Niere	0.0179	0.0193	0.9285	1.0770
	Pankreas	0.0066	0.0387	0.1709	5.8498
	Prostata	0.0160	0.0182	0.8786	1.1382
	T_Lymphom	0.0278	0.0149	1.8596	0.5377
	Uterus	0.0177	0.0046	3.8554	0.2594
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0192	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0267			
	Penis	0.0161			
	Samenblase	0.0141			
	Sinnesorgane	0.0235			
30		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0278			
	Gastrointestinal	0.0194			
35	Gehirn	0.0250			
	Haematopoetisch	0.0354			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0640			
40	Lunge	0.0289			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0185			
	Placenta	0.0364			
	Prostata	0.0000			
45	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
50	Brust	0.0272			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.1469			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0249			
	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0259			
60	Hoden_n	0.0084			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0195			
	Lunge_t	0.0000			
	Nerven	0.0281			
65	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0833			
	Prostata_n	0.0061			
	Sinnesorgane	0.0465			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 606

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0025	0.0000	undef	0.0000
	Blase	0.0195	0.0070	2.7658	0.3616
	Brust	0.0132	0.0084	1.5655	0.6388
	Dickdarm	0.0153	0.0000	undef	0.0000
	Duenndarm	0.0027	0.0000	undef	0.0000
10	Eierstock	0.0000	0.0024	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0053	0.0000	undef
	Gehirn	0.0046	0.0040	1.1605	0.8617
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0304	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0080	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0068	0.0018	3.6835	0.2715
	Magen-Speiseroehre	0.0290	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0103	0.0037	2.7833	0.3593
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0276	0.0000	undef
	Prostata	0.0132	0.0078	1.6882	0.5923
	T_Lymphom	0.0025	0.0000	undef	0.0000
	Uterus	0.0222	0.0046	4.8192	0.2075
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0027			
	Penis	0.0295			
	Samenblase	0.0493			
	Sinnesorgane	0.0000			
30		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0139			
35	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0071			
40	Lunge	0.0072			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0182			
	Prostata	0.0249			
45	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
50	Brust	0.0068			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0017			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0032			
60	Hoden_n	0.0000			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0000			
	Lunge_t	0.0000			
	Nerven	0.0010			
65	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0045			
	Prostata_n	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0155			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 607

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0025	0.0000	undef	0.0000
	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0014	0.0000	undef
	Dickdarm	0.0038	0.0057	0.6728	1.4864
	Duenndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0032	0.0038	0.8479	1.1794
	Gehirn	0.0054	0.0060	0.9068	1.1028
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0127	0.0000	undef
15	Herz	0.0010	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0039	0.0055	0.7016	1.4253
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0064	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0037	0.4639	2.1557
20	Niere	0.0022	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0017	0.0166	0.0997	10.0286
	Prostata	0.0038	0.0013	2.8940	0.3455
	T_Lymphom	0.0000	0.0075	0.0000	undef
	Uterus	0.0015	0.0138	0.1123	8.9083
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0014	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0013			
	Penis	0.0054			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30					
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
35	Gastrointestinal	0.0056			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
40	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0254			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
45	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
50	Brust	0.0000			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0058			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0097			
60	Hoden_n	0.0125			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0000			
	Lunge_t	0.0000			
	Nerven	0.0070			
65	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0000			
	Prostata_n	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0310			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 608

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0150	0.0000	undef	0.0000
	Blase	0.0000	0.0047	0.0000	undef
	Brust	0.0018	0.0000	undef	0.0000
	Dickdarm	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Eierstock	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0016	0.0124	0.1293	7.7318
	Gehirn	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0063	0.0000	undef
15	Herz	0.0020	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0040	0.0059	0.6786	1.4737
	Lunge	0.0019	0.0037	0.5262	1.9004
	Magen-Speiseroehre	0.0145	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0045	0.0048	0.9285	1.0770
	Pankreas	0.0017	0.0221	0.0748	13.3710
	Prostata	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	T_Lymphom	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Uterus	0.0030	0.0000	undef	0.0000
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0053			
	Penis	0.0000			
	Samenblase	0.0070			
	Sinnesorgane	0.0235			
30	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0139			
35	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0157			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
40	Lunge	0.0036			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
45	Sinnesorgane	0.0000			
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
%Haeufigkeit					
50	Brust	0.0000			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.1595			
	Eierstock_t	0.0000			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0046			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0130			
60	Hoden_n	0.0000			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0000			
	Lunge_t	0.0000			
	Nerven	0.0090			
65	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0045			
	Prostata_n	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 609

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0025	0.0000	undef	0.0000
	Blase	0.0078	0.0023	3.3190	0.3013
	Brust	0.0035	0.0042	0.8349	1.1977
	Dickdarm	0.0115	0.0000	undef	0.0000
	Duenndarm	0.0137	0.0000	undef	0.0000
10	Eierstock	0.0030	0.0143	0.2074	4.8219
	Endokrines_Gewebe	0.0064	0.0160	0.4024	2.4852
	Gehirn	0.0041	0.0080	0.5077	1.9696
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0080	0.0059	1.3571	0.7369
	Lunge	0.0049	0.0055	0.8770	1.1402
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0064	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0069	0.0037	1.8555	0.5389
20	Niere	0.0000	0.0048	0.0000	undef
	Pankreas	0.0017	0.0166	0.0997	10.0282
	Prostata	0.0104	0.0026	3.9794	0.2513
	T_Lymphom	0.0051	0.0075	0.6762	1.4788
	Uterus	0.0044	0.0046	0.9638	1.0375
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0034	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0040			
	Penis	0.0000			
	Samenblase	0.0070			
	Sinnesorgane	0.0118			
30					
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
35	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
40	Herz-Blutgefuesse	0.0071			
	Lunge	0.0072			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0124			
	Placenta	0.0121			
45	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
50	Brust	0.0000			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0101			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0122			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0130			
60	Hoden_n	0.0000			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0000			
	Lunge_t	0.0000			
	Nerven	0.0010			
65	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0090			
	Prostata_n	0.0061			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 610

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0000	0.0000	undef	undef
	Blase	0.0039	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0026	0.0042	0.6262	1.5969
	Dickdarm	0.0019	0.0028	0.6728	1.4864
	Duenndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Eierstock	0.0000	0.0024	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0046	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0010	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0161	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0000	0.0018	0.0000	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0022	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0017	0.0166	0.0997	10.0286
	Prostata	0.0000	0.0013	0.0000	undef
	T_Lymphom	0.0025	0.0000	undef	0.0000
	Uterus	0.0015	0.0046	0.3368	2.9694
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0007	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0013			
	Penis	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
35	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
40	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
45	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
50	Brust	0.0000			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0029			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0032			
60	Hoden_n	0.0000			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0000			
	Lunge_t	0.0000			
	Nerven	0.0010			
65	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0000			
	Prostata_n	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 611

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Dickdarm	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines Gewebe	0.0016	0.0018	0.9054	1.1045
	Gehirn	0.0012	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0010	0.0275	0.0369	27.0862
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0037	0.4639	2.1557
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0017	0.0166	0.0997	10.0282
	Prostata	0.0000	0.0039	0.0000	undef
	T_Lymphom	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus	0.0015	0.0000	undef	0.0000
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0055	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0067			
	Penis	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0139			
35	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0520			
40	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0072			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0121			
45	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
50	Brust	0.0612			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0209			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
60	Hoden_n	0.0042			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0000			
	Lunge_t	0.0000			
	Nerven	0.0010			
65	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0045			
	Prostata_n	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 612

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0075	0.0000	undef	0.0000
	Blase	0.0078	0.0117	0.6638	1.5064
	Brust	0.0114	0.0169	0.6784	1.4741
	Dickdarm	0.0115	0.0085	1.3456	0.7432
	Duenndarm	0.0110	0.0107	1.0306	0.9703
10	Eierstock	0.0059	0.0072	0.8295	1.2055
	Endokrines_Gewebe	0.0144	0.0038	3.8156	0.2621
	Gehirn	0.0193	0.0110	1.7586	0.5686
	Haut	0.0220	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0190	0.0000	undef
15	Herz	0.0173	0.0137	1.2552	0.7967
	Hoden	0.0080	0.0059	1.3570	0.7369
	Lunge	0.0165	0.0111	1.4909	0.6707
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0128	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0051	0.0037	1.3917	0.7186
20	Niere	0.0179	0.0048	3.7136	0.2693
	Pankreas	0.0033	0.0442	0.0748	13.3714
	Prostata	0.0085	0.0039	2.1705	0.4607
	T_Lymphom	0.0101	0.0075	1.3525	0.7394
	Uterus	0.0093	0.0138	0.6735	1.4847
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0096	0.0304	0.3156	3.1685
	Haematopoetisch	0.0094			
	Penis	0.0134			
	Samenblase	0.0352			
	Sinnesorgane	0.0000			
30		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
35	Gehirn	0.0188			
	Haematopoetisch	0.0079			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
40	Lunge	0.0145			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0185			
	Placenta	0.0182			
	Prostata	0.0000			
45	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
50	Brust	0.0068			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0101			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0029			
	Gastrointestinal	0.0244			
	Haematopoetisch	0.0513			
	Haut-Muskel	0.0194			
60	Hoden_n	0.0000			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0586			
	Lunge_t	0.0000			
	Nerven	0.0161			
65	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0068			
	Prostata_n	0.0182			
	Sinnesorgane	0.0077			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 613

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0000	0.0000	undef	undef
	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0053	0.0000	undef	0.0000
	Dickdarm	0.0000	0.0028	0.0000	undef
	Duenndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Eierstock	0.0000	0.0024	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0032	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0000	0.0010	0.0000	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0010	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0029	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiseroehre	0.0072	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Prostata	0.0009	0.0013	0.7235	1.3821
	T_Lymphom	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus	0.0015	0.0000	undef	0.0000
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000			
	Penis	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
35	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
40	Lunge	0.0036			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0124			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
45	Sinnesorgane	0.0251			
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
%Haeufigkeit					
50	Brust	0.0000			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0012			
	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
60	Hoden_n	0.0042			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0000			
	Lunge_t	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0000			
	Prostata_n	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 614

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0050	0.0272	0.1840	5.4361
	Blase	0.0039	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0070	0.0000	undef	0.0000
	Dickdarm	0.0096	0.0057	1.6820	0.5945
	Duenndarm	0.0082	0.0107	0.7730	1.2937
10	Eierstock	0.0000	0.0048	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0177	0.0057	3.1090	0.3216
	Gehirn	0.0030	0.0130	0.2325	4.3010
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0232	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0041	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0040	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0019	0.0092	0.2105	4.7510
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0128	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0134	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0033	0.0166	0.1994	5.0143
	Prostata	0.0094	0.0078	1.2058	0.8293
	T_Lymphom	0.0126	0.0000	undef	0.0000
	Uterus	0.0015	0.0000	undef	0.0000
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0048	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0107			
	Penis	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
35	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0260			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
40	Lunge	0.0036			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
45	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
50	Brust	0.0136			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0151			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0257			
	Haut-Muskel	0.0000			
60	Hoden_n	0.0000			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0000			
	Lunge_t	0.0000			
	Nerven	0.0070			
65	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0023			
	Prostata_n	0.0121			
	Sinnesorgane	0.0232			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 615

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0000	0.0000	undef	undef
	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0009	0.0028	0.3131	3.1939
	Dickdarm	0.0000	0.0057	0.0000	undef
	Duenn darm	0.0055	0.0000	undef	0.0000
10	Eierstock	0.0000	0.0024	0.0000	undef
	Endokrines Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0018	0.0010	1.8135	0.5514
	Haut	0.0073	0.0394	0.1862	5.3703
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0059	0.0000	undef
	Lunge	0.0039	0.0037	1.0524	0.9502
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0022	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0221	0.0000	undef
	Prostata	0.0019	0.0013	1.4470	0.6911
	T_Lymphom	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0007	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0013			
	Penis	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0000			
35	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0107			
40	Lunge	0.0181			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0182			
	Prostata	0.0000			
45	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
50	Brust	0.0000			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0029			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
60	Hoden_n	0.0084			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0000			
	Lunge_t	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0045			
	Prostata_n	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 616

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0025	0.0000	undef	0.0000
	Blase	0.0000	0.0094	0.0000	undef
	Brust	0.0070	0.0098	0.7157	1.3973
	Dickdarm	0.0057	0.0114	0.5046	1.9818
	Duenndarm	0.0027	0.0000	undef	0.0000
10	Eierstock	0.0119	0.0024	4.9773	0.2009
	Endokrines_Gewebe	0.0112	0.0071	1.5844	0.6312
	Gehirn	0.0075	0.0070	1.0776	0.9280
	Haut	0.0037	0.0394	0.0931	10.7394
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0041	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0040	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0039	0.0037	1.0524	0.9502
	Magen-Speiseroehre	0.0145	0.0064	2.2671	0.4411
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0045	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0050	0.0276	0.1795	5.5712
	Prostata	0.0094	0.0065	1.4470	0.6911
	T_Lymphom	0.0025	0.0000	undef	0.0000
	Uterus	0.0044	0.0000	undef	0.0000
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0014	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0053			
	Penis	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0111			
35	Gehirn	0.0063			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
40	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
45	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
50	Brust	0.0000			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0023			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0513			
	Haut-Muskel	0.0000			
60	Hoden_n	0.0000			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0098			
	Lunge_t	0.0000			
	Nerven	0.0040			
65	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0023			
	Prostata_n	0.0121			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 617

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0025	0.0000	undef	0.0000
	Blase	0.0000	0.0023	0.0000	undef
	Brust	0.0018	0.0028	0.6262	1.5969
	Dickdarm	0.0019	0.0028	0.6728	1.4864
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Eierstock	0.0030	0.0072	0.4148	2.4110
	Endokrines_Gewebe	0.0016	0.0019	0.8479	1.1794
	Gehirn	0.0036	0.0020	1.8135	0.5514
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0127	0.0000	undef
15	Herz	0.0051	0.0137	0.3692	2.7087
	Hoden	0.0000	0.0118	0.0000	undef
	Lunge	0.0019	0.0055	0.3508	2.8506
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0037	0.9278	1.0778
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Prostata	0.0028	0.0000	undef	0.0000
	T_Lymphom	0.0025	0.0000	undef	0.0000
	Uterus	0.0000	0.0046	0.0000	undef
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0014	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0040			
	Penis	0.0054			
	Samenblase	0.0070			
	Sinnesorgane	0.0000			
30					
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
35	Gehirn	0.0063			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
40	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
45	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
50	Brust	0.0068			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0006			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
60	Hoden_n	0.0000			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0000			
	Lunge_t	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0000			
	Prostata_n	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

2.2 Fisher-Test

5 Um zu entscheiden, ob eine Partial-Sequenz S eines Gens in einer Bibliothek für Normal-Gewebe signifikant häufiger oder seltener vorkommt als in einer Bibliothek für entartetes Gewebe, wird Fishers Exakter Test, ein statistisches Standardverfahren (Hays, W. L., (1991) Statistics, Harcourt Brace College Publishers, Fort Worth), durchgeführt.

10 Die Null-Hypothese lautet: die beiden Bibliotheken können bezüglich der Häufigkeit zu S homologer Sequenzen nicht unterschieden werden. Falls die Null-Hypothese mit hinreichend hoher Sicherheit abgelehnt werden kann, wird das zu S gehörende Gen als interessanter Kandidat für ein Krebs-Gen akzeptiert, und es wird im nächsten Schritt versucht, eine Verlängerung seiner Sequenz zu erreichen.

15

Beispiel 3

20

Automatische Verlängerung der Partial-Sequenz

25 Die automatische Verlängerung der Partial-Sequenz S vollzieht sich in drei Schritten:

1. Ermittlung aller zu S homologen Sequenzen aus der Gesamtmenge der zur Verfügung stehenden Sequenzen mit Hilfe von BLAST
- 30 2. Assemblierung dieser Sequenzen mittels des Standardprogramms GAP4 (Bonfield, J. K., Smith, K. F., und Staden R. (1995), Nucleic Acids Research 23 4992-4999) (Contig-Bildung).
- 35 3. Berechnung einer Konsens-Sequenz C aus den assemblierten Sequenzen

40 Die Konsens-Sequenz C wird im allgemeinen länger sein als die Ausgangssequenz S . Ihr elektronischer Northern-Blot wird demzufolge von dem für S abweichen. Ein erneuter Fisher-Test entscheidet, ob die Alternativ-Hypothese der Abweichung von einer gleichmäßigen Expression in beiden Bibliotheken aufrechterhalten werden kann. Ist dies der Fall, wird versucht, C in gleicher Weise wie S zu verlängern. Diese Iteration wird mit der jeweils erhaltenen Konsensus-Sequenzen C_i (i : Index der Iteration) fortgesetzt, bis die Alternativ-Hypothese verworfen wird (if H_0 Exit;
45 Abbruchkriterium I) oder bis keine automatische Verlängerung mehr möglich ist (while $C_i > C_{i-1}$; Abbruchkriterium II).

Im Fall des Abbruchkriteriums II bekommt man mit der nach der letzten Iteration vorliegenden Konsens-Sequenz eine komplette oder annähernd komplette Sequenz eines Gens, das mit hoher statistischer Sicherheit mit Krebs in Zusammenhang gebracht werden kann.

Analog der oben beschriebenen Beispiele konnten die in der Tabelle I beschriebenen Nukleinsäure-Sequenzen aus Pankreastumorgewebe gefunden werden.

Ferner konnten zu den einzelnen Nukleinsäure-Sequenzen die Peptidsequenzen (ORF's) bestimmt werden, die in der Tabelle II aufgelistet sind, wobei wenigen Nukleinsäure-Sequenzen kein Peptid zugeordnet werden kann und einigen Nukleinsäure-Sequenzen mehr als ein Peptid zugeordnet werden kann. Wie bereits oben erwähnt, sind sowohl die ermittelten Nukleinsäure-Sequenzen, als auch die den Nukleinsäure-Sequenzen zugeordneten Peptid-Sequenzen Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

Beispiel 4

Kartierung der Nukleinsäure-Sequenzen auf dem humanen Genom

Die Kartierung der humanen Gene erfolgte unter Verwendung des Stanford G3 Hybrid-Panels (Stewart et al., 1997), der von Research Genetics, Huntsville, Alabama vertrieben wird. Dieses Panel besteht aus 83 verschiedenen genomischen DNAs von Mensch-Hamster Hybridzelllinien und erlaubt eine Auflösung von 500 Kilobasen. Die Hybridzelllinien wurden durch Fusion von bestrahlten diploiden menschlichen Zellen mit Zellen des Chinesischen Hamsters gewonnen. Das Rückhaltemuster der humanen Chromosomenfragmente wird mittels genspezifischer Primer in einer Polymerase-Kettenreaktion bestimmt und mit Hilfe der vom Stanford RH Server verfügbaren Software analysiert (http://www.stanford.edu/RH/rhserver_form2.html). Dieses Programm bestimmt den STS-Marker, der am nächsten zum gesuchten Gen liegt. Die entsprechende zytogenetische Bande wurde unter Verwendung des "Mapview" -Programms der Genome Database (GDB), (<http://gdbwww.dkfz-heidelberg.de>) bestimmt.

Neben dem kartieren von Genen auf dem menschlichen Chromosomensatz durch verschiedene experimentelle Methoden ist es möglich die Lage von Genen auf diesem durch bioinformatische Methoden zu bestimmen. Dazu wurde das bekannte Programm e-PCR eingesetzt (Schuler GD (1998) Electronic PCR: bridging the gap between genome mapping and genome sequencing. Trends Biotechnol 16; 456-459, Schuler GD (1997). Sequence mapping by electronic PCR. Genome Res 7; 541-550). Die dabei eingesetzte Datenbank entspricht nicht mehr der in der Literatur angegebenen, sondern ist eine Weiterentwicklung, welche Daten der öffentlichen Datenbank RHdb (<http://www.ebi.ac.uk/RHdb/index.html>) einschließt. Analog zu der Kartierung durch die Hybrid-Panels erfolgte eine Auswertung der Ergebnisse mit der obengenannten Software und der Software des Whitehead-Institutes (<http://carbon.wi.mit.edu:8000/cgi-bin/contig/rhmapper.pl>).

B ispiel 5**Gewinnung v n g nomisch n DNA-Sequenz n (BAC-Kl n)**

- 5 Die die entsprechenden cDNA enthaltenen genomischen BAC-Klone (<http://www.tree.caltech.edu/>; Shizuya, H., B. Birren, U-J. Kim, V. Mancino, T. Slepak, Y. Tachiiri, M. Simon (1992) Proc. Natl. Acad. Sci., USA 89: 8794-8797) wurden mit der Prozedur des "down-to-the-well" isoliert. Bei dieser Prozedur wird eine Bibliothek bestehend aus BAC-Klonen (die Bibliothek überdeckt ca. 3 x das humane Genom)
- 10 in ein bestimmtes Raster gebracht, so daß die DNA dieser Klone mit einer spezifischen PCR untersucht werden kann. Dabei erfolgt ein "Poolen" der DNA verschiedener BAC-Klone. Durch eine kombinatorische Analyse ist es möglich die Klone zu bestimmen, die die gesuchte DNA enthalten. Durch das Festlegen der Klone kann die Adresse der Klone in der Bibliothek bestimmt werden. Diese Adresse
- 15 zusammen mit dem Namen der verwendeten Bibliothek legen die Klone und damit die DNA-Sequenz dieser Klone eindeutig fest.
- Die nachfolgenden Beispiele erläutern die erfolgreiche Isolierung der genomischen BAC-Klone ohne, diese darauf zu beschränken.
- Die verwendete Bibliotheken waren CITB B und CITB C:

20

Seq. ID Nr.	Identifizierte BACs		
22	266/N/19	393/M/5	504/A/18

TABELLE I

Sequenz ID No:	Expression	Funktion	Module	Cytogenetische Lokalisation	Nächster Marker
1	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt	AP_endonuclease1	Xp11.22	AFM106xa3 - SHGC-32184
2	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt	rrm; PRO_RICH		
3	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	Humanes Homolog zu M. musculus chromaffin granule ATPase II		3p14.1-p21.1	SHGC-36252 - AFMb318yf1
4	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt		14q32.13-q32.31	D14S78 - D14S292
5	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	HMG-1	PRO_RICH; HMG; NLS_BP		
6	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	NY-CO-41			
7	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt	PRO_RICH	19p13.3	WI-6480
8	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	Humanes Homolog zu M. musculus GOB-4		7p21.3	AFMb355wg1 - SHGC-17250
9	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	Humanes Homolog zu B. taurus epsilon-COP			
10	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	Pyrophosphatase	Pyrophosphatase	4q23-q26	D4S1572 - D4S1571
11	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt		9q34.2,3	D9S158
12	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	Humanes Homolog zu X. laevis dependent RNA helicase	DEAD; helicase_C	5q34-q351	D5S498-D5S408
13	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt	PRO_RICH	8p23.1	D8S277-D8S503
14	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt	PRO_RICH; NLS_BP	9q34.13-q34.2	D9S1818-D9S158
15	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt		10q21.3-q22.1	SHGC-30283
16	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt			
17	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt		15q23	D15S114 - D15S1329
18	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt		11p11.2-q13.1	D11S1368 - SHGC-31731

Sequenz ID No:	Expression	Funktion	Module	Cytogenetische Lokalisation	Nächster Marker
19	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt		5q34	
20	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt		14q31.3-q32.11	AFMa116zf5 - D14S968
21	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt	EGF;	11q13.1-q13.4	D11S913 - D11S951E
22	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt		1p36.13	SHGC-52575
23	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt	laciarnase_B	12q24.22-q24.23	AFMa225xe5 - SHGC-10488
24	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt	ESTERASE;	3p21.1-p21.2	SHGC-14816 - WI-7113
25	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt			
26	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt			
27	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt		11q13.1.q13.4	D11S913-D11S1337
28	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt			
29	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt		10q23.1	SHGC-37613 - AFM029XH12
30	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt		7q36.2-q36.3	
31	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt			
32	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt		7p22.3-p22.1	D7S2477 - D7S517
33	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt			
34	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt			
35	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt		12p11.23-p13.11	D12S1629 - D12S1922
36	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt			
37	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	Humanes Homolog zu M. musculus NIK	PRO_RICH; ROM_MOTIF; CNH		

Sequenz ID No.	Expression	Funktion	Module	Cytogenetische Lokalisation	Nächster Marker
38	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	Humanes Homolog zu molybdoterin biosynthesis MOEB protein unbekannt	ThiF_family;	3q23	
39	In Pankreastumorgewebe überexprimiert			22q13.2-q13.32	IB1149 - D22S270
40	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt		7q33-q35	WI-9353
41	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt		11q22.3-q23.2	D11S1347 - D11S908
42	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	Fas-ligand associated factor 3	SH3; PRO_RICH		
43	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	Humanes Homolog zu M. musculus SH3P7	cofilin_ADF; SH3	7p12.2-p13	D7S519 - D7S506
44	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	Humanes Homolog zu C. elegans FER-1	PRO_RICH; PRO_RICH; C2_DOMAIN_2	10q23.1	D10S583; D10S185
45	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	Humanes Homolog zu C. griseus ars2		7q22.1	sWSS3840
46	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	Humanes Homolog zu einem man(9)-alpha-mannosidase ähnlichen Protein aus C. elegans		9	SHGC-37250
47	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	JM4		Xp21.1-Xp11.23	SHGC-17255 - SHGC-37390
48	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	Homolog zu cyclin C (CCNC)	PRO_RICH		
49	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	Homolog zu VAMP associated protein of 33kDa		20q12-q13.33	
50	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	Homolog zu Prepromultimerin	PRO_RICH	10q23.1	D10S564 - SHGC-15188
51	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt		3p21.31-p21.1	AFM273ve9 - SHGC-30574
52	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	Homolog zu Fructose-1,6-biphosphatase		9q22.2	AFM212yb4 - WI-1164
53	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt	PRO_RICH		
54	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	Hic-5	LIM	16p11.2	SHGC-36123 - SHGC-5949
55	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt		1q21.2-q21.3	D1S305-D1S506

Sequenz ID No:	Expression	Funktion	Module	Cytogenetische Lokalisation	Nächster Marker
56	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	Polymeric immunoglobulin receptor	ig	1q32.2-q21.3	SHGC-11228; D1S456-D1S2891
57	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	Humanes Homolog zu H beta 58		11q23.2-q25	D11S1320 - D11S968
58	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	Humanes Homolog zu R. norvegicus TIP49	AAA	3q21.3-q22.1	SHGC-31856
59	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	Humanes Homolog zu R. norvegicus ABP-7		2q11.2	
60	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	Agrin	laminin_G; EGF		
61	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	Triose-phosphate isomerase	TIM	12q24.33	D12S367; WI-5272
63	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	Humanes Homolog zu M. musculus polymerase I-transcript release factor	PRO_RICH	17q11.2-q21.31	D17S800 - D17S791
64	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	Humanes Homolog zu M. musculus AP19	Clat_adaptor_s	Xp22.33-p22.13	
65	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	Homolog zu Ras inhibitor			
66	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt			
67	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	Humanes Homolog zu S. pombe POP3	WD40_REGION	16p13.3	WI-7742
68	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt	PRO_RICH;	8p12	
69	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt		10q23.31-q23.32	Z38397
70	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt			
71	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	Homolog zu APRIL	TNF; PRO_RICH	17p13.2	SHGC-31356 - SHGC-31370
72	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt	PRO_RICH	9p24.1-p23	D9S178 - D9S286
73	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt		3p21.31-p21.1	SHGC-31529
74	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	SH3 domain binding glutamic acid-rich-like protein		Xp13.1-p22.1	SHGC-34549; DXS983-DXS995
75	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt		16p12.3-q12.1	D16S401 - D16S411

Sequenz ID No.	Expression	Funktion	Module	Cytogenetische Lokalisation	Nächster Marker
76	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	KE04p	PRO_RICH	10q23.31-q24.1	SGC32598; D10S198-D10S192
77	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt		5q23.3-q31.1	TIGR-A002114; D5S396-D5S2119
78	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt			
79	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt	PRO_RICH		
80	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	Humanes Homolog zu M. musculus cell surface antigen 114/A10		3q12.3-q22.3	WI-16550; D3S1267 - D3S1269
81	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	Humanes Homolog zu R. norvegicus RNH-1/14-3-3	14-3-3	20q13.12-q13.2	sSG3015; D20S96 - D20S119
82	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt		20q12	SHGC-5757; nib2203 - WI-7121
83	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt		8q23.1-q24.23	WI-10125; D8S263-D8S284
84	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt		9q34.11-q34.12	SGC34869; D9S260 - D9S159
85	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	hD54		20q13.33	SHGC-3176; SHGC-9476 - SHGC-9199
86	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt		21q22.12-q22.13	TIGR-A008B34; D21S1254 - D21S1252
87	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	Humanes Homolog zu S. pombe TPR	TPR_REGION; TPR_REPEAT		
88	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	Humanes Homolog zu M. musculus seizure-related mRNA	PRO_RICH	15q22.2-q22.31	WI-5241; WI-7454
90	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	Human KIP2 gene for Cdk-inhibitor p57KIP2 Homolog			
91	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	sFRP-2	PRO_RICH; FZ_DOMAIN; NETRIN_CT	4q31.3	SHGC-1050; WI-15550 - D4S1046
92	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	Homolog zu Lung Carbonyl Reductase	adh_short	17	D17S784, n.r. (117 cM)
93	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	Humanes Homolog zu C. elegans MSR4 like protein	mito_carr	8p22-p12	sSG8989; D8S298 - D8S505
94	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt			
95	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt	Fork_head	3p14.1	D3S1566; CHLC.GATA52H09

Sequenz ID No.	Expression	Funktion	Module	Cytogenetische Lokalisation	Nächster Marker
96	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt	C2	12q13.12-q13.13	WI-7760
98	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt		1q32.2	SHGC-11228; SHGC-36215 - SHGC-12033
99	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	F1FO-type ATPase subunit d			
100	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt			
101	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	Humanes Homolog zu M. musculus SIK similar protein	NLS_BP	16q24.1-q24.2	CHLC.GATA71F09
102	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt			
103	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	Human DNA sequence from clone 5O6		22q13.1	SHGC-2785; IB342 - SHGC-37043
104	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	MSJ-1	DnaJ	11q13.2-q13.4	AFMa190xd9
105	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt	PDZ	Xq12.2	CHLC.GGATA64D08; DXS983
106	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt	UPF0034		
107	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt			
108	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	Beta-galactosid alpha-2,6-sialyltransferase	Sialyltransf; PRO_RICH	3q26.33-3q28	D3S1602-D3S1580
109	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	NHERF-2	PDZ	16q22.1-q23.1	SHGC-11460
110	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt		6p21.31-p21.2	
111	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	high mobility group protein	HMG_box	Xq28	
112	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	Multi PDZ domain protein	NLS_BP; PDZ	9p23-p21.3	SHGC-32204; WI-7091 - SHGC-3971
113	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt	G-beta	11q12	
114	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt	NLS_BP; PRO_RICH	?	SHGC-2325; SHGC-36512
115	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt		1p36.11-p36.13	

Sequenz ID No.	Expression	Funktion	Module	Cytogenetische Lokalisation	Nächster Marker
116	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt		9q34.11-q34.2	AFMb001ve9;
117	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt		17q21.31-q22	SGC32559; D17S797-D17S788
118	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt	PRO_RICH;	3q13.33-q23	WI-9557; D3S1589 - D3S1292
119	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt		11p12-q13.1	D11S1357-D11S1765
120	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt		5q34-q35.1	EST00061; SHGC-11657 - UT5261
123	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt		19q13.2-q13.33	WI-11704; D19S219-D19S418
124	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt		11	
125	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt		Xq12.2	
126	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt		20q11.21-q12	TIGR-A001Z33; D20S195- D20S107
127	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt		10q25.3	CHLC.GATA71C09
128	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	LBP-1a	PRO_RICH;	3p22.3	GATA8A06
129	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt		17q21.32-q22	SHGC-31935; NIB1385 - SHGC-30378
130	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt			
131	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt		13	SHGC-6203
132	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt		7p13	AFM288vb5; D7S679 - D7S2561
133	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt		14q24.2-q24.3	WI-7648; D14S946
134	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt		19p13.3	SHGC-1247
135	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt		1p34.3	SHGC-6708; D1S432 - D1S2540
136	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt	PRO_RICH;	5q32-q33.1	

Sequenz ID No:	Expression	Funktion	Module	Cytogenetische Lokalisation	Nächster Marker
137	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt		8q21.11 =pct141	SHGC-53839/AFM172xf10
138	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt			
139	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt		11q14.3-q22.2	
140	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt	GLOBIN	Xq22.3-q25	SHGC-32433
142	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt		17p13.2-p12	stSG4857; D17S796 - D17S960
143	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt		16q12.2-q13	AFMa061yb5
144	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt		2p24.1	AFM200ZC11; AFM207vo7 - SHGC-30375
145	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	Homo sapiens mRNA for putatively prenylated protein	PRO_RICH;	Xq25-q27.3	WI-6213; WI-5285
146	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	TFG		6p21.2	SHGC-31456; SHGC-10980 - SHGC-16715
147	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	MLN50	LIM_DOMAIN_2; SH3	17q11.2	SHGC-36242; SHGC-3073 - AFMa302yb5
148	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	HLA-F	MHC_I; PRO_RICH	6p21.31	SHGC-4087; SHGC-10115 - SHGC-17229
149	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	Adenylate cyclase inhibiting GTP-binding protein	G-alphaarf	12p12.3	SHGC-2112; D12S308 - D12S1832
151	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	AHNAK	PRO_RICH; RICIN_B_LLECTIN	11p11.2-q13.1	SHGC-15940; D11S1368 - SHGC-31731
153	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	hPGI	LRR	Xq28	SHGC-35272
154	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	Mac-2 binding protein	PRO_RICH	17	SHGC-11286; SHGC-33563 - AFM163vg1
155	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	BRG1		19p13.2-p13.3	SHGC-9937; D19S221 - D19S226
156	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	Gry-rbp	RBD; PRO_RICH; rrm	20p13-p12.3	SHGC-56771; D20S816 - D20S779
157	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	NC2 alpha subunit	HIST_TAF	11q13.1-q13.3	SHGC-1320; D11S951E - SHGC-10519

Sequenz ID No:	Expression	Funktion	Module	Cytogenetische Lokalisation	Nächster Marker
597	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	Verlängerung zu Seq ID No: 7			
598	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	Verlängerung zu Seq ID No: 25			
599	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	Verlängerung zu Seq ID No: 28			
600	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	Verlängerung zu Seq ID No: 32			
601	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	Verlängerung zu Seq ID No: 35			
602	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	Verlängerung zu Seq ID No: 44			
603	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	Verlängerung zu Seq ID No: 56			
604	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	Verlängerung zu Seq ID No: 57			
605	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	Verlängerung zu Seq ID No: 61			
606	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	Verlängerung zu Seq ID No: 63			
607	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	Verlängerung zu Seq ID No: 67			
608	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	Verlängerung zu Seq ID No: 69			
609	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	Verlängerung zu Seq ID No: 72			
610	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	Verlängerung zu Seq ID No: 82			
611	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	Verlängerung zu Seq ID No: 93			
612	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	Verlängerung zu Seq ID No: 94			
613	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	Verlängerung zu Seq ID No: 95			
614	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	Verlängerung zu Seq ID No: 108			
615	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	Verlängerung zu Seq ID No: 111			

Sequenz ID No:	Expression	Funktion	Cytogenetische Lokalisation	Nächster Marker
616	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	Verlängerung zu Seq ID No: 113		
617	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	Verlängerung zu Seq ID No: 130		

TABELLE II

DNA-Sequenzen Seq ID No:	Peptid-Sequenzen Seq. ID. No.
1	158
	159
	160
2	161
	162
	163
3	164
	165
	166
4	167
	168
	169
5	170
	171
	172
6	173
	174
	175
7	176
	177
	178
8	179
	180
	181
9	182
	183
	184
10	185
	186
	187
11	188
	189
	190
12	191
	192
	193
13	194
	195
	196
14	197
	198
	199
15	200
	201
	202
16	203
	204
	205
17	206
	207

DNA-Sequenzen Seq ID No:	Peptid-Sequenzen Seq. ID. No.
18	208
	209
	210
	211
19	212
	213
	214
20	215
	216
	217
21	218
	219
	220
22	221
	222
	223
23	224
	225
	226
24	227
	228
	229
25	230
	231
	232
26	233
	234
	235
27	236
	237
	238
28	239
	240
	241
29	242
	243
	244
30	245
	246
	247
31	248
	249
	250
32	251
	252
	253
33	254
	255
	256
34	257
	258
	259

DNA-Sequenzen Seq ID No:	Peptid-Sequenz n Seq. ID. No.
35	260
	261
	262
36	263
	264
	265
37	266
	267
	268
38	269
	270
	271
39	272
	273
	274
40	275
	276
	277
41	278
	279
	280
42	281
	282
	283
43	284
	285
	286
44	287
	288
	289
45	290
	291
	292
46	293
	294
	295
47	296
	297
	298
48	299
	300
	301
49	302
	303
	304
50	305
	306
	307
51	308
	309
	310

WO 99/55858

PCT/DE99/01258

DNA-Sequenzen Seq ID No:	P ptid-Sequenzen Seq. ID. No.
52	311 312 313 314
53	315 316 317
54	318 319 320
55	321 322 323
56	324 325 326 327
57	328 329
58	330 331 332
59	333 334
59	335
60	336 337 338
61	339 340 341
63	345 346 347
64	348 349 350
65	351 352 353
66	354 355 356
67	357 358 359
68	360 361 362
69	363 364 365

DNA-Sequenzen Seq ID No:	Peptid-Sequenzen Seq. ID. No.
70	366
	367
	368
71	369
	370
	371
72	372
	373
	374
73	375
	376
	377
74	378
	379
	380
75	381
	382
	383
76	384
	385
	386
77	387
	388
	389
78	390
	391
	392
79	393
	394
	395
80	396
	397
	398
81	399
	400
	401
82	402
	403
	404
83	405
	406
	407
84	408
	409
	410
85	411
	412
	413
86	414
	415
	416

DNA-Sequenzen Seq ID No:	Peptid-Sequenzen Seq. ID. No.
87	417
	418
	419
88	420
	421
	422
90	426
	427
	428
91	429
	430
	431
92	432
	433
	434
93	435
	436
	437
94	438
	439
	440
95	441
	442
	443
96	444
	445
	446
98	447
	451
	452
99	453
	454
	455
100	456
	457
	458
101	459
	460
	461
102	462
	463
	464
103	465
	466
	467
104	468
	469
	470
	471
	472

DNA-Sequenzen Seq ID No:	Peptid-Sequenzen Seq. ID. No.
105	473
	474
	475
106	476
	477
	478
107	479
	480
	481
108	482
	483
	484
109	485
	486
	487
110	488
	489
	490
111	491
	492
	493
112	494
	495
	496
113	497
	498
	499
114	500
	501
	502
115	503
	504
	505
116	506
	507
	508
117	509
	510
	511
118	512
	513
	514
118	515
119	516
	517
	518
120	519
	520
	521
123	528
	529

WO 99/55858

PCT/DE99/01258

DNA-Sequenzen Seq ID No:	Peptid-Sequenzen Seq. ID. No.
	530
124	531
	532
	533
125	534
	535
	536
126	537
	538
	539
127	540
	541
	542
128	543
	544
	545
129	546
	547
	548
130	549
	550
130	551
131	552
	553
	554
132	555
	556
	557
133	558
	559
	560
134	561
	562
	563
135	564
	565
	566
136	567
	568
	569
137	570
	571
	572
138	573
	574
	575
139	576
	577
	578
	579
	580
	581

DNA-Sequenzen Seq ID No:	Peptid-Sequenzen Seq. ID. No.
140	582
	583
	584
142	588
	589
	590
143	591
	592
	593
144	594
	595
	596
597	618
	619
598	620
	621
599	622
	623
600	624
	625
601	626
	627
602	628
	629
603	630
	631
604	632
	633
605	634
	635
606	636
	637
607	638
	639
608	640
	641
609	642
	643
610	644
	645
611	646
	647
612	648
	649
613	650
	651
614	652
	653
615	654
	655
616	656

DNA-Sequenzen Seq ID No:	Peptid-Sequenzen Seq. ID. No.
	657
617	658
	659

Die erfinderischen Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No 1-157, 597-617 der
ermittelten Kandidatengene und die ermittelten Aminosäure-Sequenzen Seq. ID No
5 158-596, 618-659 werden in dem nachfolgenden Sequenzprotokoll beschrieben.

S qu nzpr t koll**(1) ALLGEMEINE INFORMATION:**

5 (i) ANMELDER:

(A) NAME: metaGen - Gesellschaft für Genomforschung mbH

(B) STRASSE: Ihnestrasse 63

(C) STADT: Berlin

(E) LAND: Deutschland

10 (F) POST CODE (ZIP): D-14195

(G) TELEFON: (030)-8413 1673

(H) TELEFAX: (030)-8413 1674

15

(ii) TITEL DER ERFINDUNG: Menschliche Nukleinsäure-Sequenzen aus
Pankreastumorgewebe

(iii) Anzahl der Sequenzen: 633

20

(iv) COMPUTER READABLE FORM:

(A) MEDIUM TYPE: Floppy disk

(B) COMPUTER: IBM PC compatible

(C) OPERATING SYSTEM: PC-DOS/MS-DOS

25

(D) SOFTWARE: PatentIn Release #1.0, Version #1.25 (EPO)

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 1:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

30

(A) LÄNGE: 1202 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

40

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

45

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:1

50

```
cttcacgat agctaccgct gcttccaacc aaagcaggag ggggccttca cctgctggtc 60
agcagtcact ggcgcccgcc atctcaacta tggctcccgg cttgactata ccctggggga 120
```

```

5  caggaccctg gtcatagaca cctttcaggc ctctttcctg ctgcctgagg tgatgggctc 180
   tgaccactgc cctgtgggtg cagtcttgag tgtgtcctct gtgcctgcaa aacagtggcc 240
   acctctgtgc acccgcttcc tccctgagtt tgcaggcacc cagctcaaga tccttcgctt 300
   cctagtccct ctcgaaacaaa gtccctgtgtt ggagcagtcg acgctgcagc acaacaatca 360
10 aaccggggta cagacatgcc aaaacaaagc ccaagtgcgc tcaaccaggc ctcaagccag 420
   tcaggttggc tctagcagag gccagaaaaa cctgaagagc tactttcagc cctcccctag 480
   ctgtcccaa gctctcctg acatagagct gcctagccta ccactgatga gcgcctcat 540
   gacccgaag actccagaag agaaggcagt ggccaaagtg gtgaaggggc aggccaagac 600
   ttcagaagcc aaagatgaga aggagttacg gacctattc tggaaagtctg tgctggcggg 660
15 gcccttgcc acacccctct gtgggggcca caggagcca tgtgtgatgc gtactgtgaa 720
   gaagccagga cccaacttg gccgcgctt ctacatgtgt gccaggcccc ggggtccctc 780
   cactgacccc tccctccggt gcaattcttc ctctggagca ggcccagctg aaccaatgga 840
   ggccctgggga catctggcat ggtcacccct gcacatgatc tgaggccagc tccccttccc 900
   tgagctgcct cctgcttctc cctcaaagtc tcctaccctt ctcttctct tttaaagcct 960
20 ctcttctctg ctttccctcc tactagctc ctgttggtg agcttcttgt gccttaatcc1020
   tgtgacccag ccccttacac cactttccac ctccctgtcc gaagtacacg gacactagct1080
   gccccaggaa gttgtgtgat tttaaatcac ttctgtcttt gctggaaagt gtatttgtgc1140
   ataaataaag tctgtgtatt tgtttcaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaagga ggtttgaagg1200
   gg 1202

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 2:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 25 (A) LÄNGE: 1072 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- 35 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- 40 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:2

```

45 cctccatcag ctgcgcgcgc agcggtgta tttgcggcct gtgcgagtag gcgcttgggc 60
   actcagtctc cctggcgagc gacgggcaga aatctcgaa cagtggagcg cactcgtaac 120
   ctggatccca gaaggtcgcg aaggcagtag cgtttctca gcggcgact gctgcagtaa 180
   gaatgtcttt tccacctcat ttgaatcgcc ctcccatggg aatcccagca ctcccaccag 240
   ggatccacc cccgcagttt ccaggatttc ctccacctgt acctccaggg accccaatga 300
50 ttctgtacc aatgagcatt atggctcctg ctccaaactgt cttagtacc actgtgtcta 360
   tggttgaaa gcatttgggc gcaagaaagg atcatccagg cttaaaggct aaagaaaatg 420
   atgaaaattg tggctcctact accactgttt ttgttgcaa catttcogag aaagcttcag 480
   acatgcttat aagacaactc ttagctaaat gtggtttggt tttgagctgg aagagagtac 540
   aaggtgcttc cggaaagctt caagccttcg gattctgtga gtacaaggag ccagaatcta 600
55 ccctccgtgc actcagatta ttacatgacc tgcaaatgg agagaaaaag ctactcgta 660
   aagttgatgc aaagacaaag gcacagctgg atgaatggaa agcaagaag aaagcttcta 720
   atgggaatgc aaggccagaa actgtcacta atgacgatga agaagccttg gatgaagaaa 780

```

caaagaggag agatcagatg attaaagggg ctattgaagt ttttaattcgt gaatactcca 840
 gtgagctaaa tgccccctca caggaatctg attctcacc ccaggaagaa gaagaaggaa 900
 aagaaggagg acattttccg cagatttcca gtggcccccac tgatccctta tccactcatc 960
 actaaggagg atataaatgc tatagaaatg gaagaagaca aaagagacct gatattctcga1020
 5 gagatcagca aattcagaga cacacataag aaactggaag aagagaaagg ca 1072

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 3

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 10 (A) LÄNGE: 1468 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 15 hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- (iii) ANTI-SENSE: NEIN
 20
- (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:
- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 25 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 3

30 gcacgaggta ttatgctgtc gtatggctcc actgcagaaa gcaaaagtaa taagactaat 60
 aaaaatatca cctgagaaac ctataacatt ggctgttggt gatggtgcta atgacgtaag 120
 catgatacag gaggcccatg ttggcatagg aatcatgggt aaagaaggaa gacaggctgc 180
 aagaacacgt gactatgcaa tagccagatt taagtccctc tccaaattgc tttttgttca 240
 35 tgggtcatttt tattatatta gaatagctac cctgttacag tatttttttt ataagaatgt 300
 gtgctttatc acacccagc ttttatatca gttctactgt ttgttttctc agcaaacatt 360
 gtatgacagc gtgtacctga ctttatacaa tatttggttt acttccctac ctattctgat 420
 atatagtctt ttggaacagc atgtagaccc tcatgtgtta caaaataagc ccaccttta 480
 tcgagacatt agtaaaaacc gcctcttaag tattaataca tttctttatt ggaccatcct 540
 40 gggcttcagt catgccctta tttctttttt tggatcctat ttactaatag ggaaagatac 600
 atctctgctt ggaaatggcc agatgtttgg aaactggaca ttgggcactt tggctttcac 660
 agtcatgggt attacagtca caataaagat ggctctggaa actcattttt ggacttggat 720
 caaccatctc gttacctggg gatctattat attttatttt gtattttcct tgttttatgg 780
 agggattctc tggccatttt tgggctccca gaatatgtat tttgtgttta ttcagctcct 840
 45 gtcaagtggg tctgcttggg ttgccataat cctcatgggt gttacatgtc tatttcttga 900
 tatcataaag aaggtctttg accgacacct ccacctaca agtactgaaa aggcacagat 960
 gtactccaac acagttgctt taagtgcgca gttcatcgca ctgcagccat tgtcgagggc1020
 aaggaatcag ctgagcaaac ttagcttact gaaacaaatg caggtatcaa gtgcttggac1080
 tccatgtgct gtttcccgga aggagaagca gcgtgtgcat ctgttggaa aatgctggaa1140
 50 cgagttatag gaagatgtag tccaaccac atcagcagg gtgaaatctc tctaagtagc1200
 ctttgctgca gatgagtatc ctatctggaa caggatgaac ctgccgctct agatacctaa1260
 taaatcagca gctggtttta ccaactgaag caggaagtct gctattttatt agcactcttt1320
 ggtggttagat ttcactttgt ggctttgggg taagggtctt ttcactcaca aaggaagaga1380
 aagcacctt gaagagactt catctaata acaaaaaatt ttgtttcata atctttctaa1440
 55 aatgggctca gtaggagtgg gtgtatgg 1468

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 4:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2331 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 4

25 cggctcgaga aaggacctct cccttttcag atgcctggca tgaggcttcc agaaaccag 60
 gttcttccag gagaaataga tgagactcct ctttccaagc caggacatga ccttgccagc 120
 atggaggata aaacagagaa atggtcttcc cagcctgaag gtccacttaa attgaaagct 180
 tcaagtactg atatgccatc ccagatttct gtggttaatg tggatcaact gtgggaagat 240
 tctgtcctaa ctgtcaaatt ccccaaatta atggtaccaa gggtctcctt ccctgcccc 300
 agctcagagg atgatgtgtt catccccact gtgagggaag tgcagtgtcc agaggccaat 360
 30 attgatacag ccctttgtaa ggaaagtccg gggctctggg gagccagcat cctgaaggca 420
 ggtgctgggg tccctgggga gcagcctgtg gaccttaacc tgcctttgga agctccccc 480
 atttcaaagg tcagagtga tattcagggt gctcagggtt aaagtcaaga ggtcactata 540
 cacagcatag tgacaccaga gttttagat ctctcagtag ccaggacttt ttccactcag 600
 attgtgcggg aatcagagat cccacgctca gagattcaaa caccttcgta cggattttcc 660
 35 ttattaaaag tgaatatccc agagccccac acgcaggcta gagtgtacac aacaatgact 720
 caacactcta ggactcagga gggcacagaa gaggctccca tacaagccac cccaggagta 780
 gactccattt ctggagatct ccagcctgac actggagaac catttgagat gatctcttcc 840
 agctcgaatg tctgggaca gcaaacactc acatttgaag ttcttcttgg ccaccagctt 900
 gcagacagct gttcagatga ggagccagca gaaattcttg agtttcccc tgatgatagc 960
 40 caagaggcaa ccacaccact ggcagatgaa ggcagggtc caaaagaca accagaaagt1020
 aaaaaatctg gtctgtctct gttttggctt ccaaacattg ggttttctc ttctgttgat1080
 gagacagggt ttgattccaa aatgacgtc cagagatctg ctccatttca aacacagcct1140
 gaggcacgac cagaggcaga actgcctaaa aaacaggaga aggcaggctg gttccgattt1200
 cccaaattag ggttctcctc atctcctacc aagaaaagca aaagcaccga agatggggca1260
 45 gagctggaag aacaaaaact tcaagaagaa acaatcacgt tttttgatgc ccgagaaagt1320
 ttctcccctg aagagaagga agagggtgaa ctgatcgggc ctgtgggcac tgggctggac1380
 tccagagtga tggtagatc cgcggcaaga acagagttaa tcctgcccga gcaggacaga1440
 aaagctgacg atgaaagcaa agggtcaggc ctgggaccaa atgaaggctg agaggtatgg1500
 ctcactagta caagagagat gcaaaaaact aagttggaag gttaaaggcta cacacacata1560
 50 tggagcacc ccatccacag cacattacat ccacctcact tcacagaacg gagaacagag1620
 cagaaatgac cagaacacct ttgtcaccat cacacagccc tcctaaaatg gaaccaaagc1680
 ttcccagctc cctcaaagct ttggatgcaa agaaggcacc ctgacttcca caagacacca1740
 gaattcacac ggtactcaga ggcactgctg ggggaagttt ttggtcttta ttagataaat1800
 ttccagagac ctgtccataa taccacaacg aacatgactg tttctttgag gaaaggggta1860
 55 taatgtctgt ggtgtacaag tcgttttttg tataacttct ttctgtctgc tgctgttcc1920
 cggcaaacat agttttccta ttccaggcag agtgcggtat attccaggaa aactgtttc1980
 ctactcactt agcttacttc tttgttgaat gcctcactaa tggcaagttt caagatgttt2040
 tgggtgacaa tgcacacatg ctgggcaaaa ggggtgatggc cagtggctgg cagctggggc2100

```

agcagaagct aggacatctg tgagttgtca ttctcatcta tccatgtcca ctggcctgcc2160
agcatccgcc agtgccttgc cagtgtgcac ggtcccacac tgtggcccct gagtccccta2220
atgtacacgc tgcagccaga atgcagatgg agctggcttg gctgttcctt ggatgggcaa2280
taaagaaagt gctgcatccc aaaaaaaaaa aaaaagtaaa aaaaaaaagg g          2331

```

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 5:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 10 (A) LÄNGE: 1925 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

20

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

25

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:5

```

30 aataaaaaaa attgtattta cttagaagca ttcagaatgt caacaaaaca gccgcaattt 60
   tttttttgca attacagagt ggtattcagt taacagaaca acaattatct tcgtataagc 120
   tgcacagag acaactgaag atgaaaaaaa taaaacccaa aaagaaaacc aaaagaaaaa 180
   aaaaaaaaaa acaaaaaaca aaactaccat ccccatatat aactaatttg tgctgtgcac 240
   caacaagaac ctgctttaaa tttccatgcc aattttacaac ccccatactg taccaggcaa 300
35 ggtagtgagg tattgaaaat accaccagga cagggctatc taaagacaca ttcggtagtg 360
   tgtaactat acaaaaaaag aactgtaca gtttaaaaac aaatcttaca cagccttaca 420
   tttcaatttt tttctttaaa aggagtgaat tgtgtacagg ggggttaaat gctttataga 480
   caagaaaaaa aaaactgcgc tagaaccac ttattcatca tcatcatctt cttcttcac 540
   ttcattctct tcattctctt cctcctctc atcctcttca tcttctctc cttcctctc 600
40 ttccttcttt ttcctgtttt tttcagcctt gacaactccc ttttttgctg catcaggctt 660
   tccttttagct cgatatgcag caatattcctt ttcgtatttt tccttcaact cgcagccttc 720
   ttttcataag gctgcttgct atctgcagca gtgttattcc acatctctcc cagtttcttc 780
   gcaacatcac caatggacag gccaggatgt tctcctttga tttttgggag atactcagag 840
   cagaagagga agaaggccga aggaggcctc ttgggtgcat tgggatcctt gaacttcttt 900
45 tttgtctccc ctttgggagg gatatagggt ttcatttctc tttcataacg ggccttgctc 960
   gcttttgcca tatcttcaaa ttttcttttc tcttttagcag acatgggtctt ccacctctct 1020
   gagcacttct tagaaaactc tgagaagtgt actgaagcat ctgggtgctt cttcttatgc 1080
   tcctcccagc agtttgacac aaaaaatgca tatgatgaca ttttgctctt cggcttcttall 1140
   ggatctcctt tgcccatggt tagttatttt tctaaaaaat aaaataaata tttgatgtta 1200
50 gcaataaaat tatgacatat aagaccttaa agtacttagt aagggaatga aaaccaagt 1260
   actggttatt taacacagta gcgacatcaa cctccgtaaa atcagacaag aatatggccg 1320
   agagattaaa ttccttgaag gggctatgcc aagcaaacaa aacaaaacaa aaacagtcct 1380
   tcagggcgat ctcaaaaagt ctagacacaa agatataccc atacagtatt ccctatctat 1440
   ccgcccgagt ctgctctgaa tgagtatcta actggtcact taaacgattt taaaatctag 1500
55 aacaccattt taaaccaacc aaaccaaaag tcagaaaaca tgctgccaat tcgtggcttt 1560
   gcaactagata gggaaataaac aagggcctaa gcgagtcgac tcttctaat tatgggacct 1620
   taaaaaaaaa aatcaccgtg caccgaaagt ttcaaaaaac accctctttg cataaaactt 1680

```

5

10

- 15

20

25

30

55

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 7:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 424 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

10

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

15

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 7

25 gaatgccctt tggggggccag gggcccctgg gagccccgcc accctttccc acttggeccg 60
 ggtgcccgcg gccgccaccc ctgcacgcat ggcaggctgg cccccccca gagccctccc120
 cacagccagc agcctttcca cagtcactgc ccttcccga gtcccagcc ttccctacgg180
 cctcaccgcg accccctcag agcccagggc tgcaaccctt cattatccac cagcacaga240
 tggtagagct ggggctgaac aaccacatgt ggaaccagag aggggtcccag gcgcccagg300
 acaagacgca ggaggcagaa tgaccgcttg tccttgccctg accagctggg gaacaaccct360
 ggaccgaggc atcggccagg acccatagag caccgcgttt ttccctgtgc ccttttgaa420
 30 attg 424

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 8:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

35

- (A) LÄNGE: 1020 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

45

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

50

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:8

```

5  caagtaaattg cagcactagt ggggtgggatt gaggtctatgc cctgggtgcat aaatagagac 60
   tcagctgtgc tggcacactc agcggctctg gaccgcatcc tagccgccga ctcacacaag 120
   gcaggtgggt gaggaatcc agagttgcca tggagaaaat tccagtgtca gcattcttgc 180
   tccttgtggc cctctcctac actctggcca gagataccac agtcaaacct ggagccaaaa 240
   aggacacaaa ggactctcga cccaaactgc cccagaccct ctccagaggt tggggtgacc 300
   aactcatctg gactcagaca tatgaagaag ctctatataa atccaagaca agcaacaaac 360
   ccttgatgat tattcatcac ttggatgagt gccacacag tcaagcttta aagaaagtgt 420
10 ttgctgaaaa taaagaaatc cagaaattgg cagagcagtt tgtcctcctc aatctggttt 480
   atgaaacaac tgacaaacac ctttctcctg atggccagta tgtcccagg attatgtttg 540
   ttgacccatc tctgacagtt agagccgata tcaactggaag atattcaaac cgtctctatg 600
   cttacgaacc tgcagataca gctctgttgc ttgacaacat gaagaaagct ctcaagttgc 660
   tgaagactga attgtaaaga aaaaaaatct ccaagccctt ctgtctgtca ggccttgaga 720
15 cttgaaacca gaagaagtgt gagaagactg gctagtgtgg aagcatagtg aacacactga 780
   ttagggttatg gtttaagtgt acaacaacta ttttttaaga aaaacaagtt ttagaaattt 840
   ggtttcaagt gtacatgtgt gaaaacaata ttgtatacta ccatagttag ccatgatttt 900
   ctaaaaaaaaa aaataaatgt tttgggggtg ttctgttttc tcaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 960
   aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaattgcc cccaagggga cgggttacaa ttggggggcg1020
20

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 9:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
- (A) LÄNGE: 718 Basenpaare
 - (B) TYP: Nukleinsäure
 - (C) STRANG: einzel
 - (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 - (C) ORGAN:
- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 9

```

45  tgaaaaagta aactacattt cctagcgtgc ccgtgtcttg cttccggctg acgtgtcttt 60
   caggaagagg agctgggtgag aagacagcga aatggcgccct cgggcccccg gcccggectc120
   cggcggtccc ggggaggtag acgagctggt cgacgtaaaag aacgccttct acatcggcag180
   ctaccagcag tgcataaacg aggcgcacgg gtgaagctgt caagcccaga gagagacgtg240
   gagagggacg tcttcctgta tagagcgtac ctggcgcaga ggaagttcgg tgtggctcctg300
50 gatgagatca agccctcctc ggccctgag ctccaggccg tgcgcatgtt tgctgactac360
   ctgcgccacg agagtccgag ggacagcatc gtggccgagc tggaccgaga gatgagcagg420
   agcgtggacg tgaccaaacac caccttctct ctcatggccg cctccatcta tctccacgac480
   cagaacccgg atgccgccct gcgtgcgctg caccaggggg acagcctgga gtgcacagcc540
   atgacagtgc agatcctgct gaagctggac cgctggacc tgcgccgga ggagctgaag600
55 agaatgcagg acctggacga ggatgccacc ctcaccagc tcaaggtctt ggtaagcttg660
   caacgggtgt aaaagctcaa ggatccttct gatttcaggg attggtaaaa ttgttcca 718

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 10:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 5 (A) LÄNGE: 1202 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 10 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

- 15 (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

- 20 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 10

25 gcaggaccgt cattgacgcc atgagcgcgc tgctgcggct gctgcgcacg ggtgccccag 60
 ccgctgcgtg cctgcggttg gggaccagtg cagggaccgg gtcgcgccgt gctatggccc 120
 tgtaccacac tgaggagcgc ggccagccct gctcgcagaa ttaccgcctc ttctttaaga 180
 atgtaactgg tcactacatt tcccccttcc atgatattcc tctgaagggtg aactctaaag 240
 aggaaaatgg cattcctatg aagaaagcac gaaatgatga atatgagaat ctgtttaata 300
 30 tgattgtaga aatacctcgg tggacaaatg ctaaaatgga gattgccacc aaggagccaa 360
 tgaatcccat taaacaatat gtaaaggatg gaaagctacg ctatgtggcg aatatcttcc 420
 cttacaaggg ttatatatgg aattatggta ccctccctca gacttgggaa gatcccatg 480
 aaaaagataa gagcacgaac tgctttggag ataatgatcc tattgatgtt tgcgaaatag 540
 gctcaaagat tctttcttgt ggagaagtta ttcattgtgaa gatccttgga attttggctc 600
 35 ttattgatga aggtgaaaca gattgaaaat taattgctat caatgcgaat gatcctgaag 660
 cctcaaagtt tcatgatatt gatgatgtta agaagttcaa accgggttac ctggaagcta 720
 ctcttaattg gtttagatta tataaggtac cagatggaaa accagaaaac cagtttgctt 780
 ttaattggaga attcaaaaac aaggcttttg ctcttgaagt tattaatcc actcatcaat 840
 gttggaaagc attgcttatg aagaagtgtg atggaggagc tataaattgc acaaactgc 900
 40 agatatctga tagcccttcc cgttgactc aagaggaagc aagatcatta gttgaatcgg 960
 tatcatcttc accaaataaa gaaagtaatg aagaagagca agtggtggcac ttccttggca 1020
 agtgattgaa acatctgaaa ttctgtgtc aagattccca tctctaagga ctccaagtgc 1080
 tagagacaag ggggtctatg agcatttact gacttcctgt taaaacttca ttttttcaaa 1140
 ctttttgagc tatgcaatat ataaataaac agtaagaatt ttaaattaaa aaaaaaaaaa 1200
 45 aa 1202

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 11:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 50 (A) LÄNGE: 1610 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 55 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung

hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

5 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

10

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:11

15

```

ggagccggga ctcgcgggcg gcgggcgggg gcgtcgtgac gcggctggcc ggtgaggccg 60
cggcatgggg cgagtgcagc tcttcgagat cagcctgagc cacggccgcg tcgtctacag 120
ccccggggag ccgttggtcg ggaccgtgac cgtgcgcctg ggggcaccgc tgccgttccg 180
agccatcccg gtgacctgca taggttcctg cggggctctc aacaaggcta atgacacagc 240
gtgggtagtg gaggagggtt acttcaacag ttccctgtcg ctggcagaca aggggagcct 300
gcccgttga gagcacagct tccccttcca gtctctgctt cctgccactg caccacagtc 360
ctttgagggt cctttcgga agatcgtgca ccagggtgagg gccgccatcc acacgccacg 420
gttttccaag gatcacaagt gcagcctcgt gttctatata ttgagccctc tgaacctgaa 480
cagcatccca gacattgagc aaccacaagt ggccctctgcc accaagaagt tctcctacaa 540
gctggtgaag acgggcagcg tggctctcac agccagcact gatctccgcg gctatgtggt 600
ggggcaggca ctgcagctgc atgccgacgt tgagaaccag tcaggcaagg acaccagccc 660
tgtgtggccc agtctgctgc agaaaagtgc ctataaggcc aagcgtgga tccacgacgt 720
acggaccatt gcggagggtg aggggtgcgg cgctcaaggcc tggcggcggg cgcaagtggc 780
cgagcagatc ctggtgcctg ccttgcccca gtgcggcctg ccgggctgca gcctcatcca 840
catcgactac tacttacagg tctctctgaa ggcgcgggaa gctactgtga ccctcccggt 900
cttcattggc aatattgtcg tgaaccatgc cccagtgcgc ccccgccag gcctggggct 960
gcctcctggg gccccacccc tgggtggtgcc ttccgcacca cccaggagg aggtgaggc 1020
tgaggctgcg gctggcgccc cccacttctt ggaccccgct ttcctctcca ccaagagcca 1080
ttcgcagcgg cagcccctgc tggccacctt gaggctctgt cctggtgcgc cggagccctg 1140
ccctcaggat ggcagccctg cctcacaccc gctgcacct cccttgtgca ttcaacagg 1200
tgccactgtc cctactttg cagagggctc cggggggcca gtgcccacta ccagcacctt 1260
gattcttctt ccagagtaca gttcttgggg ctacccttat gaggcccccac cgtcttatga 1320
gcagagctgc ggcgcgctgg aaccacagct gacccctgag agctgacccc gtgctgcctt 1380
ctccaggcag gcctggcctc tgccctggga ctggggcgcc cagggcctcg tgccctctct 1440
cttggcctag cctggccac tcaggacctg cccagcctct gccagctcct ctgcatccgc 1500
cctcttctcc ctggggctgg ggtgggggtg gcagggagct gggacctgga gagacaactc 1560
ctgtaaataa aacactttat ttgtagaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 1610

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 12:

45

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2155 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

50

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

55

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

5

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:12

```

cacgcaagga tgaggcgggg ttctgcctgt ggcgcgatgc gtgcagcaaa gaatggagga 60
gtcggaaaccc gaacggaagc gggctcgcac cgacgaggtg cctgccggag gaagccgctc 120
cgaggcggaa gatgaggacg acgaggacta cgtgccctat gtgccgttac ggcagcgccg 180
15 gcagctactg ctccagaagc tgctgcagcg aagacgcaag ggagctgcgg aggaagagca 240
gcaggacagc ggtagtgaac cccggggaga tgaggacgac atcccgttag gccctcagtc 300
caacgtcagc ctcttgatc agcaccagca ccttaaagag aaggctgaag cgcgcaaaga 360
gtctgccaaag gagaagcagc tgaaggaaga agagaagatc ctggagagtg ttgccgaggg 420
ccgagcattg atgtcagtga aggagatggc taagggcatt acgtatgatg accccatcaa 480
20 aaccagctgg actccacccc gttatgttct gagcatgtct gaagagcgac atgagcgctg 540
cggaagagaa taccacatcc tggtagaggg agacgggtatc ccaccacca tcaagagctt 600
caaggaaatg aagtttctct cagccatcct gagaggcctg aagaagaaaag gcattcacca 660
cccaacaccc attcagatcc agggcatccc caccattcta tctggccgtg acatgatagg 720
catcgctttc acgggttcag gcaagacact ggtgttcacg ttgcccgta tcatgttctg 780
25 cctggaacaa gagaagaggt tacccttctc aaagcgcgag gggccctatg gactcatcat 840
ctgcccctcg cgggagctgg cccggcagac ccatggcatc ctggagtact actgccgcct 900
gctgcaggag gacagctcac cactcctgcg ctgcgcctc tgcattgggg gcattgtcctg 960
gaaagagcag atggagacca tccgacacgg tgtacacatg atggtagcca cccggggcg1020
cctcatggat ttgctgcaga agaagatggt cagcctagac atctgtcgct acctggcct1080
30 ggacgagget gaccgcatga tgcacatggg cttcaggggt gacatccgta ccatcttctc1140
ctacttcaag ggccagcgac agaccctgct cttcagtgcc accatgccga agaagattca1200
gaactttgct aagagtgcc ttgtaaagcc tgtgaccatc aatgtggggc gcgctggggc1260
tgccagcctg gatgtcatcc aggaggtaga atatgtgaag gaggaggcca agatggtgtal320
cctgctcgag tgccctgcaga agacaccccc gctgtactc atctttgcag agaagaaggc1380
35 agacgtggac gccatccacg agtacctgct gctcaagggg gttgaggccg tagccatcca1440
tgggggcaaa gaccaggagg aacggactaa ggccatcgag gcattccggg agggcaagaa1500
ggatgtccta gtagccacag acgttgccctc caagggcctg gacttccctg ccatccagca1560
cgatcatcaat tatgacatgc cagaggagat tgagaactat gtacaccgga ttggccgcac1620
cgggcgctcg ggaaacacag gcatcgccac taccttcac aacaaagcgt gtgatgagtc1680
40 agtgctgatg gacctcaaag cgctgctgct agaagccaag cagaaggtgc cggccgtgct1740
gcagggtgctg cattgcgggg atgagtccat gctggacatt ggaggagagc gcggtgtgct1800
cttctgcggg ggctggggtc atcgatcac tgactgccc aaactcgagg ctatgcagac1860
caagcaggtc agcaacatcg gtcgcaagga ctacctggcc cacagctcca tggacttctg1920
agccgacagt cttcccttct ctccaagagg cctcagtccc caagactgcc accagtctac1980
45 acatacagca gccccctgga cagaatcagc atttcagctc agctggcctg gaatgggcca2040
ggctggtcct ggctgctgt tccctgtgct cttcagaatt actgtttttg tttcctttta2100
ccccagctgc cattaaagcc caaacctcta gcccaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaa 2155

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 13:

50

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1743 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

55

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte parti lle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

10

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 13

```

15 cctgggcggg ccctgcgtca ggttgagtt tcaacttttag ctctgggcac ctccagctcc 60
   tgctcgccgg acggctccca gggagagcag acgcgccaga cgcgccaccc tcggggcgcc 120
   gacggtcacg gagcatgggg tcggcctttg agcgggtagt ccggagagtg gtccaggagc 180
   tggaccatgg tggggagttc atccctgtga ccagcctgca gagctccact ggcttccagc 240
   cctactgcct ggtgggttag aagccctcaa gctcatggtt ctggaaaccc cgttataagt 300
20 gtgtcaacct gtctatcaag gacatcctgg agccggatgc cgcggaacca gacgtgcagc 360
   gtggcaggag cttccacttc tacgatgccg tggtgggcca gatacagggc agcgtggagc 420
   tggcagcccc aggacaggca aagatcgagc gcggggccgc ggtgtctgac agctccagca 480
   cctcaatgaa tgtgtactcg ctgagtgtgg accctaacac ctggcagact ctgctccatg 540
   agaggcacct gcggcagcca gaacacaaag tcctgcagca gctgcgcagc gcggggacaa 600
25 cgtgtacgtg gtgactgagg tgctgcagac acagaaggag gtggaagtca cgcgcaccca 660
   caagcgggag ggctcgggcc ggttttccct gcccgagcc acgtgcttgc aggtgaggg 720
   ccagggccat ctgagccaga agaagacggt caccatcccc tcaggcagca ccctcgcat 780
   ccgggtggcc cagctggtta ttgactctga cttggacgtc cttctcttcc cggataagaa 840
   gcagaggacc ttccagccac ccgcgacagg ccacaagcgt tccacgagcg aaggcgctg 900
30 gccacagctg ccctctggcc tctccatgat gaggtgcctc cacaacttcc tgacagatgg 960
   ggtccctgcg gagggggcgt tcaactgaaga cttccagggc ctacgggcag aggtggagac1020
   catctccaag gaactggagc ttttggacag agagctgtgc cagctgctgc tggaggccct1080
   ggagggggtg ctgcgggacc agctggccct gcgagccttg gaggagggcg tggagcagg1140
   ccagagcctt gggccgggtg agcccttggc cgggtccagca ggtgctgtcc tggagtgcct1200
35 ggtgtgtgcc tccggaatgc tgggtgccga actcgctatc cctgttgtct acctgctggg1260
   ggcactgacc atgctgagt aaacgcagca caagctgctg gcggagggcg tggagtgcga1320
   gaccctgttg gggccgctcg agctgggtgg cagcctcttg gagcagagtg ccccgaggca1380
   ggagcgcaga ccatgtccct gccccccggg ctccctgggga acagctgggg cgaaggagca1440
   ccggcctggg tcttgctgga cgagtgtggc cttagagctgg gggaggacac tccccacgtg1500
40 tgctgggagc cgcaggccca gggccgcatg tgtgcaactc acgcctccct ggcaactgta1560
   tcaggactga gccaggagcc ccaactagct gtgcccgggc atggcctggc agctctccag1620
   cagggcagag tgtttgcca ccagctgcta gccctaggaa ggccaggagc ccagtagcca1680
   tgtggccagt ctaccatggg gccaggagtg tggggaaaca caataaaggt ggcatacgaa1740
   gga
   1743

```

45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 14:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 970 Basenpaare

50

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

55

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- 5 (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- 10 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:14

cggtctgagt gggtttttag tttgttcctt ctttttgaag tcccttcatt tcaatccttg 60
actctctctc cccttcctt gccagctct gttgaatgct gctgtgcgcg tgtgagggcc120
15 gctctgcaca cagggccctt gggttgtgtg aactgaaatt ctccctgtat ttgtgagact180
cgagagagtc cccatctgta gcacaggcaa tgccagtgcc atgctgcagc ctcagaaacc240
aggcctctca ctccagcagc aggcagaacc gtgtctgtgg tcgggtgctg tccacagctc300
tgtctgcctt gttcttgggc ttgagctgga tagagtgagg gtctcttcac cttccctgaa360
ttcagaacag accctgtgcc tggccccagt gtgcccaggc aattccccag gccctcattg420
20 ggagcccttg gtgttctgag cagcagggcc caggcagcac atgagcagtg cccaggggct480
ccctgcgtga ggacggcaag gtgcgatgta tgtctaactt attgatggca ggcagccccc540
tgtgccccct aagcctggcc ctggttattg ctgagctctg tgctcagtgc tgcggcctgg600
ccgtggctcg tctgttcctt tggggggccc gggcggttg tgggaatcag tcttcacaga660
cagacgtgag ccaggcggag gactcgttcc ttgcagaggt cagtctcac ctgcaggtgt720
25 cgggggtggg gggggcaagg agggcaggc acacaccatg tctgacctga acccgattct780
ggggagcatc ttcccgctcc ggccccacga cctccacagg gttacattgt aatatatatg840
ccccagctaa cctgtctgat ggtggcatct tcctgcagac atttcaaaca tgtaactttt900
atatgaaaaa aaataaacac agatgaaagc tgcccaatgc caaaaaaaaaa aaaaaaaaaa960
aaaaaaaaaa 970

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 15:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 35 (A) LÄNGE: 2003 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

40

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

45

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- 50 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:15

55 gagagatctg aaataacctt tcccagtggg cagggttgcc aggggtgagg ggacagcaca 60

```

taccaccccc acccaacctg ttcgaggggc cctgcatggc acgggatgag tccctgccct 120
gtgcagctgc ctggcagtggt ctgggacaag gatcttgtag ccagcacaga ggccctcttca 180
aaggcctctc cctcttgga ctcaggcaa ggcaggtgcc cgcttcccca acacctccag 240
gcagtgaccc tagggcatgc cccagcaggt ctccgagcag ccactgggac ccgtctcagc 300
5 acatcctggc ctttgaaagt ctgatatcct gagaggaggg cagggttttag ggccgcagtt 360
ccagccagcg tccccagcct ggcttccctg ccatggactc agtagctcgt ggggcttctt 420
accacccacc agccccgctg ggggtgcggc tggctgtggg caaaggagga cttgcctgga 480
gatttgagag aagattcctt ctaccagggc tgctgagggg ccaggcctgc atcaggggct 540
aggtctctggc tgggcccggg ggctgagact aaggcttttc accctgggtc ctccatgtgg 600
10 atgtgcctc agacaaaggc agtgagcctt cctgcaaaa gtgcccatcc catgggctcg 660
gcctcactgg tactgttag cccatgaaca cgtgtgggccc tcggtcacgt ggctttgagg 720
gcagtctgac caggctagac cacacgtgcc gtgacagggg gtgccattcc cctcgaggc 780
tctaagtgtc ccacatgtag cctggcagtc caaagaccaa gaatcaactt gcaaatctgc 840
cattaaactg ctgtgcgact tcaggcatat cactgccttc tctgggcttc agtgtccttt 900
15 tcatacctag aagtctgcgg tctgaggctc tttgggttca gacacactgt tctaggcttc 960
tgtaggggac cttgtgatct gccgtgcccc tcttccctgt tcttttctgt cctccccacc1020
ccaccctcag aagctgcttg ctctgcccc aggacaggag cttgacggat gaagtgcagc1080
cagccacca ggtgccattt ccagtctgac ttccagaaat gtgcaccatg tcctagagca1140
cagaccatt ggctggagcc tccctgggagg gttcaaacca tcagctctat gagaaatgcc1200
20 cagaaaggct ttgccgactc catcctctg tggaggctgc ctgcctccgg ggtgggatgg1260
gtggtttctc ctccaattca gacccaagag gttagccccg agggcatgta cctggtggga1320
agcagctcag gtacccttgg ggggtgcagg gcccttacgc aggtatttct ctctctctcc1380
tctctggggt gcgtgtgtgc gtgcgcgtgt gcgtgcctat gcttttctct gtgggcacat1440
caggatgcc ctccgagagc atgtgcacgt gtcccccact gacgagcgt gtgtgtgtgc1500
25 tctctgctg cccaggtttg gacgtctagg gtttggtgtg cctgtcttct gccctccctg1560
agccacagag gtcagtcaat gtatcttcta cgtgcctctc cctctgcctt ctctcacagt1620
gcccccggt ccagagctca ggggtagggg ttctcctgag ggtgcagggg atccttctca1680
tctcctggac cctccagggc actctggtcc ctattcccca gctcctaggc agctgagccg1740
ggtcctctag gggaggtgac caggagcttt ggtgcaggga gctcttggtg gggcaaaggg1800
30 ctggaccctt gccaggtctg tggacatggt tatatgcccg ggagagggg gtgcagggcc1860
ccagggatgg ccccaatcc cactctgtt tattctgtaa actgcaacct ataaataacc1920
tttagcattc ctattgtaac aaaattaatt tttatgaaat aaattatatt tcctagtcta1980
ataaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaa
2003

```

35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 16:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 40 (A) LÄNGE: 2279 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

45 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

50 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- 55 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:16

```

gattgaatta agcccttggg tttgccccac tgcagcttca agcggaaagg aaggaaccag 60
ttggaccagt ggtcacagac ccaagcaaaa ggcgaccgca atcagcagct ggggtctcacc 120
cctttcctct gaaccagtga cccaaacctt tcaccctcga ttgggcaacc ttggcctggg 180
5 gcatgtttat caccactgaa gtgacttgca gctatcaaag accagttaga ggggtgtgcag 240
caagcacttt ctcaggctgc ccccatccca gaagaggaca cagacactga agaaggtgat 300
gactttgaac tacttgacca gtcagagctg gatcaaattg agagtgaatt gggacttaca 360
caagaccagg aagcagaagc acagcaaaat aagaagtctt caggtttctt ttcaaatctg 420
ctgggaggcc attaatctag gaatcagctt gcaacagagc acaaaaaaca ccaaaaaaat 480
10 ttcaaacaaa aaaaaaaaaa aaaaaaggaa aagaaaaaaa ttgaactgta agctttaatg 540
attactttag atttgtttta ttttcctcc tgcaagtgaat taattggata tatatcagct 600
gacactgata gattgatatt tctgatcgtt atttttgtgt aataagcatg gaaatgaact 660
ttatacacac cactgtgttg tcagagataa atattagggg ttgtttttaa agcaaaaaga 720
aaaaaacaaa aaccaaacta ttaaaaata cctataaata ttcttttctt ttacagtttt 780
15 tcaagcatgc aaacagttt attgtaacct actgaaaaat attaacaatt aattgtgaat 840
acatgctgtt accagcttcc ttattcctaa tacctggaaa attttttttt caacggatag 900
attttgatgt aaaaaagacc gaaattatca aggtatctta gttgaaggac ttgggaaata 960
ctatcaaaat taatttctta ggaaaaaatt taaaagtata tttaagtact ctggatagac1020
tgaaacgttt ccatgttatt tctgcagttg tagacttagg cttatttgta aagaagcatg1080
20 ctccattgac tgccatctct agtcttgca ggggtggat taaccatag aaagcaagcal140
gttgtgtatc acatagacaa tgggtatgat gtaaacagat tcagttgttt tgttgttcac1200
tcgtcatatg tttgtgatag ggatgttggg agcacagctc tattctgcct gctcagactt1260
aagttagacc cttatctttt atattatgtc atgaaaaaag tctcctaaaa ttgtgaaact1320
agttcttgat gagtgatgtg atcatcagca ataaagatat aataactctg ttttcttagc1380
25 ctgtatagag gagaggaact tgcttggcct taaaatatat ttatttgcca ttttaagtata1440
aatatgaaat ctgtttctta ttgggaagat agaatatata tattttcctt taaacttttt1500
aaggtcactt ttaaataacc aaatttgatt tatggttttt aacaaaggac taaagagctg1560
aaaccaacct agttttgttt ttgtgatata aactttaagt gtcgagggac catgccagcal1620
actaccaaaa atctcttaaa tcttcaggta cagctggcat ttggcagat gcatagagac1680
30 atctgagacc ctcagaaagg aaggataatc caagaatata ggaaatctgt gttctcttcc1740
tttcatttta tcccttatat ttctaaagac taattataag taatctgaca ttttaagtga1800
gctactctta tttatttttt ctttctgagg tattaaaata tctggactga gttttgccaa1860
atgttaaagg gagaagagtt actgaagact ttgaacactt gctttttgtg attgcttatg1920
tcattagtgc ctcatgactg tgtttgatgt cctttattga taaaaagtga gcctgtgcct1980
35 tcattatctt gccatttta atacaaatgg aaacctgggtg ttgaaaaatc tctgaactgt2040
gtgggttttg gaggaatata cctgaatttt attcaataac agtttctgga caggaagaaa2100
aatacagtta catattttata aaatagtcgt tatcagtatt tttttatgtg tatgtttctt2160
tctttaaaac aatattcttg gatataaagt agaaaagttt aaaggtcatt tccattttctt2220
cactaaggag aaaaaaagtt aaataatcca agtaattaaa gatataagtc actagatga 2279

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 17:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 45 (A) LÄNGE: 761 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 50 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

55

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:17

```

aaatcttagg gtaagccagc tgccttgga gcccaccagg gctccagact gcagggaaga 60
agccgggagc aggcagccat acctccactc ttgtcctcaa ggactcagct gtgtggcctt120
ggatttcttt ttgcgggact tgcgccctgc aggacactgg tgttgaggtt ggagggctct180
10 atcctgcccc ggggtgactc ccagggttgc agggggatag ggtggagaag ggtgctgtag240
cccttgcaag cgtgaagtc tttctgctct cttagcctat tacattagga gtagcttacc300
tttgggtgcc aacgggtccag gatcccccta aaatgggatg gggataattc aggaatcagc360
ctgggttggc acaggggcgg tattccttgg agaggcagga ctcacacaca cccatccaga420
tcagtgtagc ttctccctta ggaagcctct aggacatccc ccatgttaga gtccacatca480
15 gcaaagctgc tctgcccttg gctactttca cttgggctac ctgccttggg ctacttccac540
tagctgcaac cctgggacgc atgggagggg aggggtgtga ccctcaggaa cagtgtggtc600
cttggagggt ctagacagac cctgagcatc accaccccag ttattgtgac cccacgtttc660
caccatcag cctcctgggg tctctgcctg tgtgaacagt agggcccaac ctggaaccag720
atggtacggc catgccggtc ctgcaggag ctcatgcctg g 761
20

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 18:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

25 (A) LÄNGE: 1403 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

35 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

40 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:18

```

45 ggtggctttg cctgggtgct gggcctgcgt tctctggctg cttgctgcct gtgtgcgttc 60
cttgggtgct ttggcttctg cactccttgg tctcaccgc tcaggtcctc cattcacacg 120
aggtcctcct cgctctggcc gctcttctg ctcctgtctg aagaaatcag actgatttcc 180
tcttaagact cctagggatg tgggtgaagag ctgggactca agtgcagtcc acggtgtgaa 240
acatgagggg ggtgaggtgt ccgtccactt ccccccataa ggtgtgcatt tcagttaggc 300
50 tgccccgcca cagagcaggc ttcatctgct ctgccatcca gcccctctg gatgtgaggt 360
gggttgagga catcatgggg tgattgcaga aagggggagt ggcgggccac gcagcttctg 420
ctgaggagct gaccgctctg agctgttctg tttcgtattg ctgctctgtg tctgcatgta 480
ttgtgaccgt gcggctccac ctcttccagc tgctgtaca gctgaggcct ggatcccggc 540
cttccctgt gacttacgtg tctgtcaccg gcaggcagcc ctacaaatcc tgggtgacgt 600
55 ctctcccaag aacagagcct gtccccagat gtcccagtag cgatgagtaa cagaggtggc 660
tgtggacttc ctctacttct ccttgctgga tcagggcctt cctgcctccc gctgggcagg 720

```

```

tctggccttg ctctcttggc agggccccag cccctctgac cactctgcag ctcaccatgc 780
agctgatgcc aaagttgtgg tgtccagtgt gcagcagccc tgggagccac tgccaccttc 840
agaggggttc cttgctgaga cccacattgc ttcacctggc cccaccatgg ctgcttgcc 900
ggcccaacct agcgttctgt gccatgctag agcttgagct gttgctcttc ttcaggggag 960
5 gaaatagggt ggagagcggg aagggtcttg ctctaagtg ttgctgctgt ggcttttttg 1020
ccttctccaa agacgcactg ccagggtccca agcttcagac tgctgtgctt agtaagcaag 1080
tgagaagcct ggggtttgga gcccacctac tctctggcag catcagcatc ctactcctgg 1140
caacatcagg ccaacgtcca cccagcctc acattgccag atgttggcag aagggctaata 1200
attgaccgtg ttgactggct ggagccttca aagccactgg gatgtctccc aggcacctgg 1260
10 gtcccatgac cagctccccg tctccatagg ggtaggcatt tcaactgggtt atgaagctcg 1320
agtttcatta aatatgttaa gaatcaaaac tgtctttgtt caggctgcta taacaaaaat 1380
ataatagcct ggggtggctta aac                                     1403

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 19:

15

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1702 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

20

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

25

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

30

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 19

```

gggcgcgacc ggagtgtcgg tggatgatgg catcccgagc gtgcggcgcg aggtgcactc 60
gtacctgact gacactctgc actcgctcat ctccgagctg agcccgagc agaaggagga 120
40 ctcggtcatc gtggtgctga tcgccgagac tgactcacag tacacttcgg cagtgcacaga 180
gaacatcaag gccttggttc ccacggagat ccattctggg ctccctggagg tcatctcacc 240
ctccccccac ttctaccctg acttctcccg cctccgagag tcctttgggg accccaagga 300
gagagtcagg tggaggacca aacagaacct cgattactgc ttccctcatga tgtacgcgca 360
gtccaaaggc atctactacg tgcagctgga ggatgacatc gtggccaagc ccaactacct 420
45 gagcaccatg aagaactttg cactgcagca gccttcagag gactggatga tcctggagtt 480
ctcccagctg ggcttcattg gtaagatggt caagtcgctg gacctgagcc tgattgtaga 540
gttcattctc atgttctacc gggacaagcc catcgactgg ctccctggacc atattctgtg 600
ggtgaaagtc tgcaaccccg agaaggatgc gaagactgtg accggcagaa agccaacctg 660
cggatccgct tcaaacgcgc cctcttccag cacgtgggca ctcaactcctc gctggctggc 720
50 aagatccaga aactgaagga caaagacttt ggaagcagc cgctgcggaa ggagcatgtg 780
aaccgcgacc cagaggtgag cacgagcctg aagacatacc agcacttcac cctggagaaa 840
gcctacctgc gcgaggactt cttctgggcc ttccccctg ccgcggggga cttcatccgc 900
ttccgcttct tccaacctct aagactggag cggttcttct tccgcagtgg gaacatcgag 960
caccgggagg acaagctctt caacacgtct gtggagggtg tgcccttcga caacctcag 1020
55 tcagacaagg aggccctgca ggaggggccg accgccacc tcgggtaccc tcggagcccc 1080
gacggctacc tccagatcgg ctcttcttac aaggagtggt cagagggaga ggtggaccal 1140
gccttcggcc ctctggaagc actgcgcctc tcgatccaga cggactcccc tgtgtgggtg 1200

```

attctgagcg agatcttcct gaaaaagccc gactaagctg cgggcttctg agggtagcct1260
 gtggccagcc ctgaagccca catttctggg ggtgtcgta ctgccgtccc cggagggcca1320
 gatacggccc cgcccaaagg gttctgcctg gcgtcgggt tgggccggcc tggggtccgc1380
 cgctggcccg gaggcctag gagctggtgc tgcccccgcc cgccgggccc cggaggaggc1440
 5 aggcggcccc cacactgtgc ctgaggcccc gaaccgttcg caccgcctt gccccagtc1500
 ggccgtttta gaagagcttt tacttgggcg cccgccgtct ctggcgcgaa cactggaatg1560
 catatactac tttatgtgct gtgtttttta ttcttgata catttgattt tttcacgtaa1620
 gtccacatat acttctataa gagcgtgact tgaataaag ggtaaatgaa gaaaaaaaaa1680
 aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aa 1702

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 20:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 802 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

20

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

25

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

30

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 20

35 tttttttttt ttttttttca ttttcaaaag ggctttttatt aaattctccc cacacgatgg 60
 ctccctgcaat ctgccacagc tctggggcgt gtccctgtagg gaaaggccct gttttccctg120
 aggcgggggt gggcttgctc atgggtccgc ggactggccg tgcttgccgc cctggcgtgt180
 gtctagctgc ttcttgcccg gcacagagct gcgggggtctg ggggcaccgg gagctaagag240
 caggctcttg tgcaggggtg gaggcctgtc tcttaaccga caccctgagg tgctcctgag300
 40 atgctgggtc caccctgagt ggcacgggga gcagctgttg ccggtgctcc ttcctaggcc360
 agtcctgggg aaactaagct cgggcccttc ttgcaaaga ccgaggatgg ggtgggtgtg420
 ggggactcat ggggaatggc ctgaggagct acgtgtgaag agggcgccgg tttgttggt480
 gcagcggcct ggagcgccct tctcctgagc ctccagtttc ctttccgtct aatgaagaac540
 atgccgtctc ggtgtctcag ggctattagg acttgccctc aggaagtggc cttggacgag600
 45 cgtcatgtta ttttcacaac tgctcctgcga cgttggcctg ggcacgtcat ggaatggccc660
 atgtccctct gctgcgtgga cgtcgcggtc gggagtgcgc agccagaggc ggggccagac720
 gtgcgccttg gggtagggg aggcgccccg ggagggcctc acaggaaagt gggctcccgc780
 accaccaggc agggcggggt cc 802

50 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 21:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1647 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

55

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

5 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

10 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 21

```

accctttctc ttttcttttc cctttttctt tttctttttt gggtaagggt gacaccccat 60
ttattggaga agacccagc acccgcccc tgaggtctta agggctttgg tgtatccttg 120
20 gtcacgagcg ctggggcagg aagcagaggt cctgagagcc aagtctagt gttgagagag 180
gacctgggt gggcctggg agcaggaagc catctgtcca gctgggcagg ccccatgggt 240
ccctgggtgca gccccggcca tgtgtccagc gcccatact ccatgagggg ggtctgcacc 300
ccatcacacg ctggttctgc aggtctgcac cctgtgagg ctgcccctgg ggggcatggg 360
ttctgttggg ctcttgctcc cagcatggat gaccagcga tagcagtcag tgatgcgctt 420
25 gttgggtgca tgggggccac agcgggtgca gtacacgat cccagtcaa gcaggaccac 480
caaaaagaca cacgttgga ccaggagtgc caccagcagg caccggtcat cctctgggt 540
gtgctcgga agaccagcct cccccagggc tgttggggct gctgtgggag ctggtgaggg 600
cagccacagg gccaaacttg gactggggcc atcttccctt gggatttggg gggctttgga 660
atggggatgt gtagggctga tgggtgaggt ctggttagtg gggctctgag agggcaggag 720
30 ggtggggagg gctgcgggct ggggtggcagc aggcacagag atttgatggg caggagacac 780
aggggacctg gaggtggtg tcagagaggg ctgggcagtt gggataatgg gaagctgggt 840
ggcctgggtt ctgaggacaa gggcatctgg ggcttgaggg ggtcgctggg caccgagggt 900
ggtgaccaga ggggcatggt taggtgggat tccaggcaaa tgagtggtg tctgggtgcc 960
agcgacccgg gtgtctgga acatggggga ctggtgggca ggaagagct ccgatattt 1020
35 ggttgagatc atagggggct ggtgggcagg aggtgtgct gaatgagaga cagagagaat 1080
accgggttgg taggcagaag gcagatctgg atagttggct gcgacacgg ggtctggtg 1140
gtcacgggac aaagctgggt gtgtggcagg gatcacagga ggctgggtgg cagaaggcag 1200
tgtgggatgc gtggcagaga ccaccacagg ccgggtgacg gagagcactg aggagtggta 1260
ggggaccctg ggggcactga gcgggggtgg ccaggtgggc tccgggtagg gtatctgtgg 1320
40 ctctctgtcc tctgggaagc tcggtctata ggccagggca aagtcaggcg gctgcgtagg 1380
ctccatccac aggatcccg gcattctcgt ccagccaccg ttgaagcctt ccaggcctcg 1440
tcttcattct cctcatctc cccgtcatcc agcaactcat ctccgaggtc ctgggaaccc 1500
tgggcaccca tggccctgc agggctgcag ctgatgccat cagcctccag ctcatgtccc 1560
tcgctacaat aacactcgaa gccaccaacg tagttgacac acatctgctg gcacacaccg 1620
45 gcaatctggc actcatctgt gtccaca 1647

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 22:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

50 (A) LÄNGE: 1170 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

55 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

10

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 22

```

15  cctcgctggc agaagagata gaatcagggc tgccccaca gagtgggacc caaggggcta 60
    attggaggca cgagggggacc cctccccagg gccttttctt cctctgctgc ttccatctac 120
    tgaaatggga gaggggggtgg ggagcttctg ttctggtgaa gggaccggg caggcccca 180
    gcaccccatg ctgacttggg gaacccaga tctctgggac ccagccaggc aggggtgtgg 240
    ggcagctgtg ccaatctacc tcacaggccc acccctgcc gggcatgccg tgggatcatg 300
20  ggcagggaag gctctggggg tcggagacac cgctgcttag cacccccagc cagaacacc 360
    tgagggtctc ggggctctgg agagagtggg gcgggaggaa gaattggcac ctccctaggg 420
    aaggagacga gcgcttcgcc ttgattctcc gagaagcctc cgagaagtgc ttttaagtgtg 480
    tttgcatgcg ccaggcggtg ggcagcgggg gcctgtccag ccctctcccg ccctccttcc 540
    ccaagtgcg tccactgcct tgtcaccagc gacctgcctg tcatgccac ccctgagga 600
25  agcatgggga ccctaacacc ctggtgccct gcaccagaca ggccgtggc aggccaggc 660
    caccggccgg gttctgccac agcttccac gtgcttgctg acatgcgtgt gcctgtgtgt 720
    ggtgtctgtt gctgtgtcgt gaaactgtga ccatcactca gtccaaaca gtgagtggcc 780
    ctgaggcca cagttatgca actttcagtg tgtgtcataa cgacgtcact gctttttaa 840
    ctcgataact ctttatttta gtaaaatgcc caggagtcct ggaagctacg cggacttgca 900
30  gaggttttat tttttggcct tagaatctgc agaaattagg aggcaccgag cccagcgca 960
    cagcctcgga cccggattgc gtttgcccta gcgatatgt ttatacagat gaatataaaa 1020
    tgtttttttc tttgggcttt ttgcttcttt tttcccccc ttctcacctt cccttctccc 1080
    cgacccacc ccccaaaaaa gctacttctt cattccgtgg tacgattatt tttttaactt 1140
    aaaggaagat aaaattctat attcttaaaa 1170

```

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 23:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1259 Basenpaare

40

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

45

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

50

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

55

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:23

```

5  ggagtatcca gataggcgac acgccggcgg gcggctgagg cgggaatggc tgctgtactg 60
   cagcgcgtcg agcggctgtc caatcgagtc gtgcgtgtgt tgggctgtaa cccgggtccc 120
   atgaccctcc aaggcaccaa caccaccta gtggggaccg gcccaggag aatcctcatt 180
   gacactggag aaccagcaat tccagaatac atcagctgtt taaagcaggc tctaactgaa 240
   tttaacacag caatccagga aattgtagtg actcactggc accgagatca ttctggaggc 300
10 ataggagata tttgtaaaag catcaataat gacactacct attgcattaa aaaactccca 360
   cggaatcctc agagagaaga aattatagga aatggagagc aacaatatgt ttatctgaaa 420
   gatgaagatg tgattaaagc tgagggagcc actctaagag ttctatatac ccctggccac 480
   actgatgatc acatggctct actcttagaa gaggaaaatg ctatcttttc tggagattgc 540
   atcctagggg aaggaacaac ggtattttgaa gacctctatg attatatgaa ctctttaaaa 600
15 gagttattga aaatcaaagc tgatattata tatccaggac atggcccagt aattcataat 660
   gctgaagcta aaattcaaca atacatttct cacagaaata ttcgagagca gcaaattctt 720
   acattatttc gtgagaactt tgagaaatca tttacagtaa tggagcttgt aaaaattatt 780
   tacaagaata ctctgagaa tttacatgaa atggctaaac ataactctct acttcatttg 840
   aaaaaactag aaaaagaagg aaaaatattt agcaacacag atcctgacaa gaaatggaaa 900
20 gctcatcttt agtttcagat taaagaaagc tttgttttat tttgctttga gagaatggta 960
   tgttttctta actatagggt attttataga gaatataaaa gtataaaaca ttaaaaaataa1020
   ccctagatat actttaaaat aatgtttatat ttatgctaaa atatgtaaat tacactatac1080
   aaccatatga taggttatct ctctaaccct gtcttctaac gttttaccaa aaattcataa1140
   tctaatagtt tatcagtttt caatagatta aataaaatga ttactttaaa aataataaaa1200
25 tttatctaata ttaaagttga aaaaattttt ggccgttagt tatctattac tagtgatca 1259

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 24:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 30 (A) LÄNGE: 1021 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 35 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- 40 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

45

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 24

```

50 gcgttctctc tccggccctc ggtcaccgcc agcacgcgcc tgcttcccgt ctgcgcgagt 60
   ccacgcagct cccagggccc ttcaccagca cagcagcagc aggcattggc gcaagcgtgg 120
   agcagcgcga gggcaccatc caggtgcagg gccaggccct cttcttccga gaggccctgc 180
   ccggcagtg gaggctcgc ttctctgtac tgctgtgca tggatttcgc ttctcctccg 240
55 agacctggca gaacctgggt acactgcaca ggctggccca ggctggctac cgggctgtgg 300
   ccattgacct gccaggctcg gggcactcca aggaagcagc agcccctgcc cctattgggg 360
   agctggcccc tggcagcttc ctggcggtcg ttggtggatgc cttggagctg ggccccccgg 420

```

```

tttgatcag tccatcactg agtggcatgt actccctgcc cttcctcacg gccctggct 480
cccagctccc gggctttgtg ccagtggccc ccattctgcac tgacaaaatc aatgctgcc 540
actatgccag tgtgaagact ccagctctga ttgtatatgg agaccaggac cccatgggtc 600
agaccagctt tgaacacctg aagcagctgc ccaaccaccg ggtgctgatc atgaagggg 660
5 cggggcacc cgtttacctg gacaaaccag aggagtggca tacagggtg ctggacttcc 720
tgcaggggct ccagtgaagc ccagcactgc tgcagggggt gggctgcctg cctgctctga 780
gctctctctt gcacgctctc tcttctctcc caggctctgg ctcatgcaca tgcaacagg 840
gcgtctgtct atatgtctgg gttcttgtct tttgtggtct gtttgtcttt tctacctctt 900
tctcttgcat tgatagactg agggggtaaa atcaagagga aaaaactctc aggaatcaag 960
10 gaacataatc ctgtggaggg taaaccatta catgaggctt ctcccgggtc gttcaagttt 1020
c 1021

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 25:

15 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1407 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

25

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

30

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 25

```

agcaaagggt gccggagacc aagatcggaa gcgtgaaata cgaaggcatc gagttcattt 60
aactgaaaac cggtcaagg agcaaggcca tcaggactca gcttttataa aaacaagagg 120
agtgcacttt tgttttgttt tgttcttttt ggaactgtgc ctgggttgga ggtctggaca 180
40 gggagcccag tcccgggccc catagtgggt cgggcactgg accccgggac ccacaggagg 240
ccgcggtctg aactgctttc catgctgcca tctggtgggt atttcggtca cttcaggcat 300
tgactcaagg cctgcctaac tggctgggtc gtttcttcca tccgacctcg tttcttttct 360
ttcctatggt cttttgttca gtgaatatcc cttagagctc taccatatgt caggccctat 420
gcctcaccct gagaacgcag tgggcatgag gtggacctgt ttgctgggaa cccaggtca 480
45 ccccttttct ttcctactct gtgcctggag catcatgtcc acccctgcag atccttgga 540
aagaaaatgt ttatgttgca ggtattgca tggtcacgag tgagggcagg cccctgggga 600
cacatctgcc cacagtgca caggccaggg cgcaggcaca tctgttggtt ctgagcctc 660
agataaaacc atctcgcat catatggcca gtgaccgctt tctcccttca agaaaattct 720
gtggctgtgc agtactttga agttttaatt attaacctgc tttaattaaa gcagtttct 780
50 ttcttataaa gtggaatcac caaatcttat cacacagagc acagtcctgt agttaccag 840
cccgtccag cagtgcggga gattgtaagg aagcgtggc ggctggtgaa gcaagtctca 900
catgtcggcg ttcttgacca atggatacaa agataaagaa aatgttgcct ttttctagga 960
actgtcagaa atcctcatgc ctttcaagac ttctgtgaat gacttgaatt ttttattccc 1020
tgccctagggt ctgtgaacga ggcctgtctc ttccctgggg tttctttcca tggcctttat 1080
55 ttctctctt ccagtgggag ttttgaggc tcttctctgt ggaaacttca cgagcgttgg 1140
ctgggcctcg gcttcgctgg agtgactcc aggtgaaagg cagagtggga tttgagacc 1200
aggttaggca cgaccaggc tgagaaggga cgtttccatc attcacagt ccctccccac 1260

```

```

agcactacct cagcccgagc cccaccctca ctctacccc accccgcgat cgtcaggggt1320
gccacggtgg gccggagggt gccccgtcgg ggcttggtcc tggtgccggt ccctgaaaaa1380
gcttttcccc tttgaaatt caagcac                                     1407

```

5 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 26:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 10 (A) LÄNGE: 286 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

15

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

20 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- 25 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 26

30 ctctcggtct cgctggcag cagctccgcc gccagaggc gtccgagacc ctccgactcg 60
 tgggtacgca taggcctcgc cagcgagcct tgcccaggca acgagtcgcc agcccgcccc120
 ctgcgccggg gctaggtctc acctcgccac cagtacgtct tggacaagta gtgccagggtc180
 tgatgccggg tgtggtgagt gccgccggga ccaggtgcg ccgcctcgat gaggtcccgg240
 cgtcgctccg gctgcagcac cacctccagc tccgcgaagg tcttgc 286

35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 27:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 40 (A) LÄNGE: 815 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

45

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

50 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 27

5
 cgcctcgttt gcactgggtg ctggacagcc gacgcaacta caaatggggc ggagtttcgg 60
 cactggagca gctaatttgc atataggaat gagctccac aaacacgaga agttccagca120
 agttcgccac ttccggttct cctggctatc caatagcatc gaggtaggca tccccggaag180
 tgaggcagcg gaggacgacc tttttccggt tccggcctgg cgagagtttg tgcggcgaca240
 10 tgaaactgct taccacaat ctgctgagct cgcattgtgc ggggtggg tcccgtggct300
 tccccctgcg cctccaggcc accgaggtcc gtatctgccc tgtggaattc aacccaact360
 tcgtggcgcg tatgatacct aaagtggagt ggtcggcggt cctggaggcg gccgataact420
 tgcgtctgat ccagggtgccc aaagggccgg ttgagggata tgaggagaat gaggagtttc480
 tgaggaccat gcaccacctg ctgctggagg tggagtgat agagggcacc ctgcagtgcc540
 15 cggaatctgg acgtatgttc cccatcagcc gcgggatccc caacatgctg ctgagtgaag600
 aggaaactga gaggtagttg tgccaggcgc cagtttttct tggtagact gtgtattttt660
 gttgatctat accctgtttc cgaattctgc cgtgtgtatc cccaaccctt gaccaatga720
 caccaaacac agtgtttttg agctcgggtat tatatatatt tttctcatta aaggtttaa780
 accaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaagt cgacg 815

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 28:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 548 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

30

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

35

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

40

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 28

45 tttctcgaac cttctctttt ctttcttttt tgcactgtgc aaatatattg actttatttg 60
 tctcctttca ggagcctcac agacatatcc aggtaaaaag atcgttaaat aaatgccttc120
 agccatcgca atgcaaaaat aaatatcaat cctccagacg cagtagcagc cgcgctgcgc180
 ccaaagtccc aacggccacg cctaacaatt ataaaagtgt tcagcgagag tgttgccgtg240
 agtgtagaat ggtgtgcgct ggggggcacg gtggagcggg gtgcaaaatc ggagttgcaa300
 50 accatcggac aagggcattg agtggctacc cgccgcccac tcagcgcggg cgcgctccc360
 cgcacacact cacagcagag ttgcactgg gaagagttaa aaaataaaca ttacaagga420
 cgaggaaagc ggccccgctc cggcgctcc cgggccaggg cgagcgcggc gagggcgca480
 ccgaccgggt cgcagcgggg cgggagtcgc aagcgcgcca ggagcgggcg gtcccgggtc540
 cttgcggg 548

55

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 29:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 493 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 29

```

gcaagatggc tgccctgaca gcggagattt tgcagcactc cagagcctgc tcaaggcctc 60
ctcgaaagat gttgtcagac agctgtgtca agaaagcttt tccagttcag cccttggctt120
gaaaaaactc ttggatgtta catgttccag cttgtctgtg acccaggagg aggcagagga180
actgctccag gctctgcacc gcctcactag gctggtggca ttccgtgacc tgtcctctgc240
cgaggcaatt ctggctctct ttccagaaaa ttccaccaa aacctcaaaa acctgctgac300
aaagatcatc ctagaacatg tgtctacttg gagaaccgaa gcccaggcaa atcagatctc360
tctgccacgc ctggtcgatc tggactggag agtggatatc aaaacctcct cagacagcat420
cagccgcatg gccgttgccc cacctggcct ggttccagat ggaaggttcc aaggaggttc480
ccaggctatg ggg                                     493

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 30:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1063 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 30

```

5  cgctccccc tccaactctc aaccacttcc tccagccagc gccccagccc tcccgcgcgc 60
   cgctcgagg tcccaggagg cgcagactgt gtccctgaca atgggaacag ccgacagtga 120
   tgagatggcc ccggaggccc cacagcacac ccacatcgat gtgcacatcc accaggagtc 180
   tgccctggcc aagctcctgc tcacctgctg ctctgcgctg cggccccggg ccaccagggc 240
   caggggcagc agccggctgc tgggtggcctc gtgggtgatg cagatcgtgc tggggatctt 300
10  gagtgcagtc ctaggaggat tttctacat ccgcgactac accctcctcg tcacctcggg 360
   agctgccatc tggacagggg ctgtggctgt gctggctgga gctgctgcct tcatttacga 420
   gaaacggggt ggtacatact gggccctgct gaggactctg ctagcgctgg cagctttctc 480
   cacagccatc gctgccctca aactttggaa tgaagatttc cgatatggct actcttatta 540
   caacagtgcc tgcgcctctc ccagctcgag tgactggaac actccagccc ccactcagag 600
15  tccagaagaa gtcagaaggc tacacctatg tacctccttc atggacatgc tgaaggcctt 660
   gtccagaacc ctccaggcca tgctcttggg tgtctggatt ctgctgcttc tggcatctct 720
   ggccctctct tggtgtact gctggagaat gttcccaacc aaagggaata gagaccagaa 780
   ggaaatgttg gaagtgagtg gaatctagcc atgcctctcc tgattattag tgcttggtgc 840
   ttctgcaccg ggcgtccctg catctgactg ctggaagaag aaccagactg agggaaaagag 900
20  gctcttcaac agccccagtt atcctggccc catgaccgtg gccacagccc tgctccagca 960
   gcacttgccc attccttaca ccccttcccc atcctgctcc gcttcatgtc ccctcctgag 1020
   tagtcatgtg ataataaact ctcatgttat tgttcccaaa aaa 1063

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 31:

25

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 472 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

30

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

35

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

40

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 31

```

   cggtcgagg cggcgcgatg gcggcggggc tggcgcggtc cctgttgctc ctccggctct 60
   cgcccgggcg gcccgcgcgc gcaggtgcag cgaagatgaa ggtggtggag gagcccaacg 120
50  cgtttggggg gaacaaccgc ttcttgccctc aggccagtcg cctccaggcc aagaggatc 180
   cttcaccgct gtctggaccc gtgcactctc tccgactctc gggcaagtgc ttcagcctgg 240
   tggagtccac gtacaagtat gagttctgcc cgttccacaa cgtgacccag cacgagcaga 300
   ccttcgcgtg gaacgcctac agtgggatcc tgcgcatctg gcacgagtgg gagatcgcca 360
   acaacacctt cacgggcatg tggatgaggg acggtgacga ctgccgttcc cggagccggc 420
55  agagcaaggt ggagctggcg tgtgcgagcc cgagcaactg cgtctaaggg gt 472

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 32:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 5 (A) LÄNGE: 2568 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 10 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- 15 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

- 20 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 32

25 catctctctg cagtgccttc ctgcgctgtg cagcccgcgc acccacaggg tcacccctcc 60
 tgcgggctgc cagaagcccc ctccagcagg gcctctctcc gtggccccag cttcactctc 120
 tccctcagca catgccctgc tggaggcccc agccctccgt ggacagcagg ggccacgtgg 180
 agcccgggcc gctcacccgc gacccagtg cgtgcgctt cttggtgcc aacccccctc 240
 cccacccag agactgggca gctgtgtctg gtctgttctt tgcactaacc acatttgtca 300
 30 tctctagggc aggtggggc tgcgggctga ggggaccgc tggcaccccc ctccctccc 360
 ttcttggttc catttccatc catgacaggt acagcatccc aggagcccg cctgaggggc 420
 tggacccgag ccggtgtga acatccctca gccctgctg tcccccttg ggactaacca 480
 ctaacctcac ccccaaactc cacgggtgcc ctagctggc ccagagccg cagtgtgagc 540
 ccaagtccg gctggagccg agccggagc agctgtctgg gactcaagg tgcagtagcg 600
 35 tttcttcatg ggggtgtcca ggggtgcc cagaccgaca ggcagcccaa gggcctggac 660
 accctccccc aggcaggtgc tgccccagga ggactgtcct cgggaatga cctcccgccg 720
 gctttggact gattgccctg tggcctcggc ctccctccca tgaagtggg gcgaggtccc 780
 ccaatgggtc ttttggcttt agtgtacgat gtttctgtg cttcccgccg tggagggcag 840
 agccacccca catcaggatc ggacgtgcta cccctcccg tcccgccct ggcccagcca 900
 40 gccagccct cgaggctcga tgctgtgcc aaggccagg gcagccagag ggcagctgga 960
 tggccacgtg caggggtcaa ggctgggcc tgacgtggg cgggccgcca gcccagcag 1020
 ttacagacg catggctctt cctcccagag cagccggcag ctacctggac cggaaatgtc 1080
 ctcacccct ccctggggcc aggtctgcc ctggccttc tctgtgaacc cctcctttct 1140
 ttgtgctggt gtctgggacc aaaaagggg aatatgggag ggcagagtgg ggaggggagt 1200
 45 ccatggcctt ggggccccaa gccggggcgt ctgagctccc caggcatgac caaacctcag 1260
 tggaggggcc tctgcttcag gcccgcctg gctgacattc tgagccccc tcggaggccc 1320
 cgccacagcc aacctgcca gtctttctc tgggcttgac ccgccaggga gttctccagg 1380
 cctagggcca ggagagagg cctggcacc tggcgtggg gcccgccaa cgccctgcga 1440
 ccgctcagaa gcacaaatgc tgtccatggc cgtgaggtg cctgccagg gaattggacat 1500
 50 agcgtgagag gcggtgagg cagggcttcc agcctcgtg tgtctcgga ctccctgacc 1560
 tgggtgtgct gtgtgcccgt ctgtgacttt ctactacca aggttgaaga aaggaaacgg 1620
 ggaaaatcaa aaggggttca aacccacct cagtagggtg aggggagcgc ctgccattgg 1680
 ttgtattttt gttctgagtt ttcggtgcc gtctcctaac tactccatc catgacctcg 1740
 ccacacctac tggggcatct ggctgggtgc tgctgccaat gccagcccc actctacccc 1800
 55 tgcacagggg gtcttgagc ccccaggccc acagcctcgt tgggaggaca ggggtggccc 1860
 ggggacaaga gggaggagcc caggggctta cctcactgag agtgctcccc agcaggcatc 1920
 cactacccca gggcccccca catgtcatgg caaggttgg agtgaatgg cctggttggg 1980
 agcagcccct ggcccattgc ccacccaccc atctcactat gcaattcgag ttccaagcaa 2040

catttgctcc tgccttgggg ccagctctgc ccagccctg agaggggtgg tgaggcagcc2100
 ccctggaccc cagaacccca gacaaggggg caggcggggg accagggcct ctctgtggg2160
 atctttgttt tgtgtttaac cataatggtt gtgtactgaa ccacttcata ttgttata2220
 5 ataatatata tatatataat ctctttaaga ctacagctcc tggtttacc cccggcctg2280
 ggcactctgac ctccccacc ccagtgtgat ttaacatcca ggaactgagg cctgaacct2340
 tttgcatttc cccctcctcc agcctctgta gggccatggc tgtatgtact gtcgctgtgt2400
 ttttttgttt ttttagaact gggtttgggg gctgattttt atttctttgg gggctttttt2460
 tcttgcaaaa tactaaaaat ctctcaatg taatttctgt ggtttctatt cagcttgggt2520
 ttcattgtttt aaaataaatt ttaaaaagca aaaaaaaaaa aaaaaaaa 2568

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 33:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 15 (A) LÄNGE: 239 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

20

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

25

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

30

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 33

35 cgcgatggcg gcggggctgg cgcggctcct gttgctcctc gggctctcgg cggcggggcc 60
 cgcgccggca ggtgcagcga agatgaaggt ggtggaggag cccaacgcgt ttgggtgagc120
 agcctcgcgg gctggcggtc cgagcggggg acggcccggg cccgttcccc gctgacctgt180
 ccgcttcccc tagtggaac aaccgttctc tgctcaggc cagtcgcctc caggccaag 239

40 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 34:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 45 (A) LÄNGE: 482 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

50

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

5 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 34

```

10 ctccaagctt ggcttgccca acactcggtg ggcagaatga tcacctccgt tgtttcaggt 60
   actctgtgtt tttttatgca acagttcatg taaaatggag acgaggccag aagaatcctt120
   gagcagacag agccagtttg gcctcctaag tgaccttaac cttgcttgat ttgcaagcat180
   gtctgaaact ttatttgttg tttttctgtt aaatgcctat gttaaagaaa cacagaactt240
   aagctcaacc aatcagaagc agccaacaaa aacgtaatta gtaactagga cttcctcatg300
15 ggatagacca aataaggcaa ctgtataact gtgtaactgt ataactgtaa ccaatgaaat360
   attatctttg cttttatcta tttgtcctaa aaagcctcct cctcatgttc tctctgggga420
   gctccctagc cacttctgga tcactgctca aataaactct taaatatattt aaaaaaaaaa480
   aa
                                     482

```

20 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 35:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 (A) LÄNGE: 641 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 25 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

30 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

35 (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

40 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 35

```

45 gagagcagta ggtgttagca gcttggtcgc gacaggggag ctaggtagag cgccgggacc 60
   tgtgacaggg ctggtagcag cgcagaggaa aggcggcttt tagccaggta tttcagtgtc120
   ttagacaag atggaatcat ctccatttaa tagacggcaa tggacctcac tatcattgag180
   ggtaacagcc aaagaacttt ctctgtgcaa caagaacaag tcacgggcta ttgtggaaat240
   attctccaag taccagaaag cagctgaaga acaaacatg gagaagaaga gaagtaacac300
   cgaaaatctc tcccagcact ttagaaaggg gaccctgact gtgttaaaga agaagtggga360
50 gaaccagggg ctgggagcag agtctcacac agactctcta cggaacagca gcactgagat420
   taggcacaga gcagaccatc ctctgtgta agtgacaagc cagctgctt ctggagccaa480
   agctgaccaa gaagaacaaa tccacccag atctagactc aggtcacctc ctgaagccct540
   cgttcagggt cgatatcccc acatcaagga cggtaggat cttaaagacc actcaacaga600
   aagtaaaaaa atggaaaatt gtctaggaga atccaggcat g
                                     641
55

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 36:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 381 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 36

```

25 aagttgatga cctacgctct tacttctgct tgccaggagt aactgaaagc aaacaccaca 60
   gtctgttggt tattagcttt taaaggcttg tcaacattcc ttgttaacaa tttctttttg120
   ggtagccttt tataaaatgc gtaggtgatg agtgatccag cagacaaggc ggctcgagcc180
   gattcgctc gagcggctcg aggtaaaaga aaaaaaatg tggaggaaaa catggcctac240
   tcagctttga tggaagtggc tggttactgc ttaatagaga gaatgctttg gaatcctatg300
30 ttgaaaataa aaagtgtttg gttgtgcagt tatgcgggtca tggtcattcc cagacagttg360
   gctaaggttt agtggtcctc t                                     381

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 37:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1539 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 37

```

5   ctggggacag gaagcccctg taccattatg gtcggggcat gaatcccgtt gacaaaccag 60
   cctgggcccc agaggtaaaa gagagaacaa ggatgaacaa gcagcagaac tctcccttgg 120
   ccaagagcaa gccaggcagc acggggcctg agccccccag ccccagggcc tccccagggc 180
   ccccaggcct cccctgggcc cccaaaccct accacaaatt catggccttc aagtcctttg 240
   ccgacctccc ccaccgccct ctgctggtcg acctgacagt agaggagggg cagcggtctca 300
   aggtcatcta tggctccagt gctggcttcc atgctgtgga tgtcgactcg gggaacagct 360
10  atgacatcta catccctgtg cacatccaga gccagatcac gcccctatgcc atcatcttcc 420
   tcccacaacac cgacggcatg gagatgtgct tgtgctacga ggacgagggt gtctacgtca 480
   acacgtacgg gcgcatcatt aaggatgtgg tgcctgactg gggggagatg cctacttctg 540
   tggcctacat ctgctccaac cagataatgg gctgggggtg gaaagccatt gagatccgct 600
   ctgtggagac gggccacctc gacggggtct tcatgcacaa acgagctcag aggtcgaagt 660
15  tctgtgtgta gcggaatgac aagggtgttt ttgcctcagt ccgctctggg gcgagcagcc 720
   aagtttactt catgactctg aaccgtaact gcatcatgaa ctggtgacgg ggccctgggc 780
   tggggctgtc ccactctgga cccagctctc cccctgcagc caggcttccc ggccgcccc 840
   tctttccctc cccctgggctt ttgcttttac tgggttgatt tccctggagc ctgctgggaa 900
   cgtgacctct gacctctgat gctttcgtga tcacgtgacc atcctcttcc ccaacatgtc 960
20  ctcttcccaa aactgtgcct gtcccagct tctggggagg gacacagctt ccccttccca1020
   ggaattgagt gggcctagcc cctccccctt tttctccatt tgagaggaga gtgcttgggg1080
   cttgaacccc ttacccact gctgctgact gggcagggcc ctggaccctt ttatttgcac1140
   gtcaggggag ccggtcccc ccttgaatgt accagaccct ggggggggtc actgggccc1200
   agatttttgg ggggtcacca gccactccag gggcagggac catttcttca ttttctgaaa1260
25  gcactttaat gattccctg ccccaaaact ccagggaatg gaggggggag cccgccagcc1320
   aaaacatgcc ccccatctcg gacccccctc tctcttcta gcccagccc ttccccgggt1380
   gagggaggga gcaggagacc ctactctcc acgccccttg cttgcatccg catatagtgt1440
   gagcagcaag taacccttct cctccttccc cagtcacccc tctcaatgt agtggcctt1500
   aattgtcttt attaacaac aggatatcca aggtcgagc 1539
30

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 38:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 35 (A) LÄNGE: 2195 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- 45 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- 50 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 38

```

55  gctccgagga aggcctgtgg gagtctcgga gacgtgtctg tctgtgaggc gctgggtgca 60
   cgtccccagg gctctgggct aggaaggcag cggcgaggtg cctccccacg taccctctgc 120
   gggccagacc gagcaacgtg gggcgaaggc ggcggcgaag gcccgggctg ggagcggttg 180

```



```

cggccggagt cccagccatg gcggagtctg tggagcgccg gcagcagcgg gtccaggagc 240
tggagcggga acttgcccag gagaggagtc tgcagggtccc gaggagcggc gacggagggg 300
gcggccgggt ccgcatcgag aagatgagct cagagggtgg ggattcgaat ccctacagcc 360
gcttgatggc attgaaacga atgggaattg taagcgacta tgagaaaatc cgtacctttg 420
5 ccgtagcaat agtaggtgtt ggtggaagtag gtagtgtgac tgctgaaatg ctgacaagat 480
gtggcatttg taagttgcta ctctttgatt atgacaaggt ggaactagcc aatatgaata 540
gacttttctt ccaacctcat caagcaggat taagtaaagt tcaagcagca gaacatactc 600
tgaggaacat taatcctgat gttctttttg aagtacacaa ctataatata accacagtgg 660
aaaactttca acatttcatg gatagaataa gtaatggtgg gttagaagaa ggaaaacctg 720
10 ttgatctagt tcttagctgt gtggacaatt ttgaagctcg aatgacaata aatacagctt 780
gtaatgaact tggacaaaca tggatggaat ctggggtcag tgaaaatgca gtttcagggc 840
atatacagct tataattcct ggagaatctg cttgttttgc gtgtgctcca ccacttgtag 900
ttgctgcaaa tattgatgaa aagactctga aacgagaagg tgtttgtgca gccagtcctt 960
ctaccactat ggtgtggtt gctgggatct tagtcaaaa cgtgttaaag tttctgttaa 1020
15 attttggtag tttagttttt taccttggat acaatgcaat gcaggatttt ttctacta 1080
tgtccatgaa gccaaatcct cagtgtgatg acagaaattg caggaagcag caggaggaat 1140
ataagaaaaa ggtagcagca ctgcctaacc aagaggttat acaagaagag gaagagataa 1200
tccatgaaga taatgaatgg ggtattgagc tggatctgga ggtttcagaa gaggaactga 1260
aaaatttttc aggtccagtt ccagacttac ctgaaggaaat tacagtggca tacacaattc 1320
20 caaaaaagca agaagattct gtcactgagt taacagtgga agattctggt gaaagcttgg 1380
aagacctcat ggccaaaatg aagaatatgt agataatgga ctgggatata ttgtatttct 1440
catgttaaag cctcttcctt tgaaattaaa aaaaaatttt aactgataaa acttagggca 1500
acattaatta atgtatatct ttacctgaat tgttatactt tttgaaaatc ctgtgacttg 1560
cctgtttctc ccgctccaa cgaaatcatt aactctccta aaatgtgttt cattctagta 1620
25 agaaaacctc aaaggatatt gtaggatata aatcttactt gaaaacatag ctgttgaaat 1680
gttttggcct tttggagtgg gggaaggaca aatctgatcc tgtaatcttt ttctttccag 1740
taatcccttg tgtctgttgc atgaggacat ggacaataaa gtagtatatg atcctcagat 1800
acagggagaa ggacaaggca tacagcttat tgattagagc tggcaagcat ctgctcatta 1860
tgtttggaaat tgctttctat aagaaaattg cccactacta ctaacttgat caacaatgaa 1920
30 ttcaaaaatg ttaacctatg aaataacatc ctctcaaatg tttgctgatg aagtacaagt 1980
tgaaatgtag ttattggaaa agtctgtaac ctgtggatca tatatattca aagtgagaca 2040
aaggcaataa aaaagcagct attttcatga atagaaaaaa aaaaaatttc aggaagtata 2100
aattatattc tgcaccgaac aaggaacaga aattattgca tctgtggaag catatatctg 2160
ggagttacta ttactttact ggaagggcca agggc 2195

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 39:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 40 (A) LÄNGE: 1409 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

50

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

55

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 39

```

5  gtttgctgtc cttttttaaa ggattccaag ccatgtgaaa ttcccttctg gatgtgattc 60
   tgggtcgcaa gtccttattt atatgtgagg ctggggaatg ggctgggggt attggcagtc 120
   cttttgcagg gcagtgtgtg tgggtgggtg acaccgctgt ggcttagccc aagacactcc 180
   cagaggaaaa cactgcagaa ggaactggtt tgcagactgt ggaaggatct gcagttttgt 240
   ttttgaccaa aaaaataata ataagttagc tctgaagggc agagggaata cccaagcccc 300
   tgatgcctat gagaagtccc tggacttcaa cctcctgtt gtttggcctt agcccagagg 360
   gagctgctca cctgagcacc cttgggggtg ggcagagagg cagggtgga ttttagagtt 420
10 agtgtctgtg cgggggcagc cctgagcctg gaggtagac tttgggtct cttagtttg 480
   aggtgttgag tgcatttgtg cccctgcctg gttgagagct tcttggtagc tcttgcacc 540
   ccttctcact gccctgaccc aacccactg gaccttgatg ctgcgaggag tgggtgctctg 600
   acggactcag cactcccgcg tgatgtattg gatcatagga gagcacttgc tctcctgcct 660
   ctgccaggag agggcttgtt cctccaactc taggaggcca ggcaagcatg gacaggagcc 720
15 aagggagcag ggtcattaac ttttcttct ttgcaaagtg ggcacttggc atcaggggcc 780
   caatcaccag aaagcaccaa agcccctggc accccacca ctccatccta cccagggacc 840
   ccaagtaggc aactgttatg gcagtgggtc cagcccaggc cagcactgcc agcctcctct 900
   ccctgcagta ggcaccagct ctacctcccc cggcaggcaa tgccttggt tctcagcccc 960
   gcaccatctg ttccctaga cttctcaggg gccagcccag tctgggccac ctttgtttc 1020
20 cctcatcctc ggctcccaca caggtgacag acccagcaga tagcttctct ctgggaaagg 1080
   ttggatgctg ccttacatcc cttctagcc ctctcccat ccacacacac aggcacccac 1140
   ccacaccagg tcggcttgtt tctcacatgt agggagagag gggagaccaa ccccttgtg 1200
   tcttttgaaa tacgaagaaa aatgtgtgtt caggagcatg actccagtgc tgcgtcttg 1260
   ggcctagttc agtctgtctt gtctcaaatc taggcatttt tgcttcaatt ttatttttt 1320
25 taaaacattt ttttgggtgt cccgttggtt ttggaataat ttggctaaca ttggtaaaag 1380
   gtaagggggt taaaataata ggtaatttt
                                     1409

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 40:

- 30 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 (A) LÄNGE: 1084 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 35 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

- 40 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- (iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 40

```

   ggaatcttta agcaatcata cggggaaaaa gggcccatca cttcaaagg agccacaatt 60
   agactcctca acagacatga ttgaggctgg aagataaggg aatggatatc tcttcaaagc 120
   cgaaagaata ggaccacacc tgccaggatt tggttgttta aatataaatc tgatcacccc 180
55 cctgcttaga acccttctgc tttctattac ccctcattta aaatgtaaac tcttcacctt 240
   ggtttatgag aactggttct tgccttcccc ttgaacctca ttaaatggtg atttcttgct 300
   aagctccagc ccgagtgggtc tcctctcagc ttctaatttt gtgctctttc ctgccctttt 360

```

```

cctgggcctt ctcagctctc cacccccacc actcttgact cagggtggtgt ccttcttcct 420
caagtcttga caattcccg ggccttcagt ccctgagcag tctacttctg tgtctgtcac 480
cacatcttgt cttttccctt cattgcattt attgcagttt atatatatgc tacttttact 540
tgttcatttc tgtctccctt accaggctgt aatgagggc agaaaccttg tttgttttat 600
5 tcaccatcat gtaccaagtg cttggcacat agtgggcctt cattaaatgt ttgttgaata 660
aaagagggaa gaaggcaagc caaccttagc tacaatccta ccttttgata aaatgttcct 720
tttgacaata tacacggatt attatttgta ctttgttttt ccatgtgttt tgcttttatc 780
cactggcatt tttagctcct tgaagacata tcatgtgtga gataacttcc ttcacatctc 840
ccatgggtccc tagcaaaatg ctaggcctgt agtagtcaag gtgctcaata aatatttgtt 900
10 tgggtggttt gtgagccttg ctgccaagtc ctgcctttgg gtcgacatag tatggaagta 960
tttgagagag agaacctttc cactccact gccaggattt tgtattgcca tcgggtgcca 1020
aataaatgct catatttatt aaacaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 1080
aaaa
1084

```

15 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 41:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 20 (A) LÄNGE: 2860 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

- 25 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

30 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- 35 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 41

```

tcttggtctga ttcttttctt ggcagttccc cttatgaggg ttacaactat ggctcctttg 60
40 agaatgtttc tggatctacc gatggtctgg ttgacagcgc tggcactggg gacctctctg 120
acggttacca gggccgctcc tttgaaccgg taggtactcg gcccagtg gactccatga 180
gctctgtgga ggagatgac tacgacacat tgaccgacat cgattccgac aagaatgtca 240
ttcgaccaa gcaatacctc tatgtggctg acctggcacg gaaggacaag cgtgttctgc 300
ggaaaaagta ccagatctac ttctggaaca ttgccaccat tgetgtctc tatgcccttc 360
45 ctgtggtgca gctggtgatc acctaccaga cgggtgtgaa tgtcacaggg aatcaggaca 420
tctgctacta caacttctc tgcgccacc cactgggcaa tctcagcgcc ttcaacaaca 480
tctcagcaa cctgggttac atcctgctgg ggctgtctt cctgtctatc atcctgcaac 540
gggagatcaa ccacaaccgg gccctgctgc gcaatgacct ctgtgccctg gaatgtggga 600
tccccaaaca ctttgggctt ttctacgcca tgggcacagc cctgatgatg gaggggctgc 660
50 tcagtgttg cgatcatgtg tgcccaact ataccaattt ccagtttgac acatcgttca 720
tgtacatgat cgccggactc tgcatgtga agctctacca gaagcggcac ccggacatca 780
acgccagcgc ctacagtgc tacgcctgcc tggccattgt catcttctc tctgtgctgg 840
gcgtggtctt tggcaaaggg aacacggcgt tctggatcgt cttctccatc attcacatca 900
tcgccacct cctctcagc acgcagctct attacatggg ccggtggaaa ctggactcgg 960
55 ggatcttccg ccgcatctc cactgtctct acacagactg catccggcag tgcagcgggc 1020
cgctctacgt ggaccgcatg gtgctgctgg tcatgggcaa cgcatcaac tggctcgtgg 1080
ctgcctatgg gcttatcatg cgcccaatg atttgcctc ctacttgttg gccattggca 1140

```

tctgcaacct gctcctttac ttcgccttct acatcatcat gaagctccgg agtggggaga1200
 ggatcaagct catccccctg ctctgcatcg tttgcacctc cgtgggtctgg ggcttcgcgc1260
 tcttcttctt cttccaggga ctcagcacct ggcagaaaac ccctgcagag tcgagggagc1320
 acaaccggga ctgcatcctc ctcgacttct ttgacgacca cgacatctgg cacttcctct1380
 5 cctccatcgc catgttcggg tcttctctgg tgttgctgac actggatgac gacctggata1440
 ctgtgcagcg ggacaagatc tatgtcttct agcaggagct gggcccttcg cttcacctca1500
 aggggcccctg agctcctttg tgtcatagac cggtcactct gtcgtgctgt ggggatgagt1560
 cccagcaccg ctgcccagca ctggatggca gcaggacagc caggctctagc ttaggcttgg1620
 cctgggacag ccatgggggtg gcatggaacc ttgcagctgc cctctgccga ggagcaggcc1680
 10 tgcctcccctg ggacccccag atgttggtcca aattgctgct ttcttctcag tgttggggcc1740
 ttccatgggc ccctgtcctt tggctctcca tttgtccctt tgcaagagga aggatggaag1800
 ggacaccctc cccatttcat gccttgcat ttgcccgtcc tcctccccac aatgccccag1860
 cctgggacct aaggcctctt tttcctccca tactccact ccagggccta gtctggggcc1920
 tgaatctctg tctgtatca gggccccagt tctctttggg ctgtccctgg ctgccatcac1980
 15 tgcccattcc agtcagccag gatgatggg ggtatgagat tttgggggtt ggccagctgg2040
 tgccagactt ttggtgctaa ggcctgcaag gggcctggg cagtgcgtat tctcttcct2100
 ctgacctgtg ctcagggtg gctctttagc aatgcgctca gccaatttg agaaccgcct2160
 tctgattcaa gaggtgaat tcagaggtca cctcttcac ccatcagctc ccagactgat2220
 gccagcacca ggactggagg gagaagcgcc tcacccttc ccttcttct ttccaggccc2280
 20 ttagtcttgc caaaccocag ctggtggcct ttcagtcca ttgacactgc ccaagaatgt2340
 ccaggggcaa aggaggatg atacagagt cagcccgttc tgccctcata gctgtgggca2400
 cccagtgcc taccttagaa aggggcttca ggaaggatg tgctgtttcc ctctacgtgc2460
 ccagtccatg cctcgctcta ggaccaggg ctggcttcta agtttccgtc cagtcttcag2520
 gcaagtcttg tgtagtcat gcacacacat acctatgaaa ccttgagatt taaaaagaat2580
 25 tgccccagct ctgggcacc tggccaccct ggtccttga tccccttctg cccacctgg2640
 ccaccccaga tgctgaggat gggggagctc aggcggggcc tctgctttgg ggatgggaat2700
 gtgtttttct cccaaacttg tttttatagc tctgcttgaa gggctgggag atgaggtgg2760
 tctggatctt ttctcagagc gtctccatgc tatggttgca tttccgttt ctatgaatga2820
 atttgcattc aataaacaac cagactcaga taaaaaaaaa 2860

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 42:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2137 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 42

gtccgctttc gtctccgtcc tgctgccgtt accgccgctg ctgccgccgc ttgcgtcccc 60
 cgtcccggtc tgtggtgcag ccgggaccca ggaccatgtc tctgtctcgc tcagaggaga 120
 tgcaccggct cacggaaaat gtctataaga ccatcatgga gcagttcaac ctagacctcc 180

```

ggaacttcac cgccatgggg aagaattacg agaaggcact ggcaggtgtg acgtatgcag 240
ccaaaggcta ctttgacgcc ctggtgaaga tgggggagct ggccagcgag agccagggt 300
ccaaagaact cggagacgtt ctcttcaga tggctgaagt ccacaggcag atccagaatc 360
agctggaaga aatgctgaag tcttttcaca acgagctgct tacgcagctg gagcagaagg 420
5   tggagctgga ctccaggtat ctgagtgtct cgctgaagaa ataccagact gagcaaagga 480
gcaaaggcga cgccctggac aagtgtcagg ctgagctgaa gaagcttcgg aagaagagcc 540
agggcagcaa gaatcctcag aagtactcgg acaaggagct gcagtacatc gacgccatca 600
gcaacaagca gggcgagctg gagaattacg tgtccgacgg ctacaagacc gcactgacag 660
aggagcgagc gcgcttctgc ttcctggtgg agaagcagtg cgccgtggcc aagaactccg 720
10  cggcctacca ctccaagggc aaggagctgc tggcgagaa gctgccgctg tggcaacagg 780
cctgtgccga ccccgagcaag atcccgagc gcgcggtgca gctcatgcag cagggtggcc 840
gcaacggcgc caccctcccc agcgccctgt cgccctccaa gtccaacctg gtcatttccg 900
acccatttcc gggggccaag ccctgcccgg tgccccccga gctggcaccg ttcgtggggc 960
ggatgtctgc ccaggagagc acacccatca tgaacggcgt cacaggcccg gatggcgagg 1020
15  actacagccc gtgggtgac cgcaaggctg ccagcccaa atccctgtct cctccgagc 1080
ctcagagcaa gctcagcgac tctactcca acacactccc cgtgcgcaag agcgtgacc 1140
caaaaaacag ctatgccacc accgagaaca agactctgcc tcgctcgagc tccatggcag 1200
ccggcctgga gcgcaatggc cgtatgcggg tgaaggccat cttctccac gctgctgggg 1260
acaacagcac cctcctgagc ttcaaggagg gtgacctcat taccctgctg gtgcctgagg 1320
20  cccgcgatgg ctggcactac ggagagagtg agaagaccaa gatgcggggc tggtttccct 1380
tctcctacac ccgggtcttg gacagcgatg gcagtgcag gctgcacatg agcctgcagc 1440
aagggaagag cagcagcacg ggcaacctcc tggacaagga cgacctggcc atccacccc 1500
ccgattacgg cgccgcctcc cgggccttcc ccgccagac ggccagcggc ttcaagcaga 1560
ggccctacag tgtggcctg cccgccttct cccaggccct ggatgactat ggagcgcggt 1620
25  ccattgagcag cgccgatgtg gaagtggcca gattctgagc cgcctgacta gagttagaat 1680
ccctttgccc acgtccagct gaagccgaca gtgaccaacg acaggtctgc cccctcctc 1740
agctgatggc cacatctgca gtgctgcccc tctggtggct tccccgccc tccccatgt 1800
gcctgttctg tcatcatctg tgcgttctg ttagagaaac atccaggccc cggctgctg 1860
30  gtcttgcccc acttgagtct ggctggact ggatcccagc tgttctaggc agggcgggc 1920
agagtggggc gcaggccct gaaggcgag acccagtggc tgggctgcc agggctgagg 1980
ggccgcctct tgagggtaca cgcctctggt cacatggcca tggagcctt ggtaccctg 2040
agttaaggga ggacatttg ccagctggtg gctgggagg gagcctggct gcctgctgc 2100
ttctcctgcc taataaacag gcttctctg caaaaaa 2137

```

35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 43:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 40 (A) LÄNGE: 2410 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

45 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

50 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- 55 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 43

```

5  ttgagcagac acaggtgcag gcagtgggtga ctctacaggc cctgctattc cgggccccttt 60
   tgcaacggtg tggcaacaat aaaattttga cgtagccatc ctccatttgg aagtctggtg 120
   gctgggtttgc cgtggaaatg accctgtttt tatttccaga attacctctg ggttttagaga 180
   agtgggttttt aaacgagtgt gggtaaaaaa aattacctga ggtacctgtc agagtgcgag 240
   acttctaggt cccacccagc tctcatcaat cagtttagtg aggggtggtg ccaggactct 300
   gatttttaaac atacccttag aaagattctg atacaggtag aggtgagaag ccctgggttta 360
   gaggcagctc gcctccctt catggtggga ccagggccag cagggaatgt cagggccacc 420
   cctgaccttc actgtgactt ctggcttgca gaggggtggc cgggaggaga tgggtggagg 480
10 agctcaacag cgggaagggt atgtacgcct tctgcagagt gaaggacccc aactctggac 540
   tgcccaaatt tgtcctcatc aactggacag gcgagggcgt gaacgatgtg cggaagggag 600
   cctgtgccag ccacgtcagc accatggcca gcttcctgaa gggggcccat gtgaccatca 660
   acgcacgggc cgaggaggat gtggagcctg agtgcacat ggagaaggtg gccaaggcct 720
   cagggtgcaa ctacagcttt cacaaggaga gtggccgctt ccaggacgtg ggacccagg 780
15 cccagtggtg cctgtgttac cagaagacca atgcccgtgc tgagattaaa agggttggtg 840
   aagacagctt ctggggccaaa gcagagaagg aggaggagaa ccgtcggctg gaggaaaagc 900
   ggccgggcccga ggaggcacag cggcagtgga gcaggagcgc cgggagcgtg agtgcgtgag 960
   gctgcacgcc gggagcagcg ctatcaggag cagggtggcg aggccagccc ccagaggacg 1020
   tgggagcagc agcaagaagt ggtttcaagg aaccgaaatg agcaggagt cgcctgtcac 1080
20 ccgagggaga ttttcaagca gaaggagagg gccatgtcca ccacctccat ctccagtcct 1140
   cagcctggca agctgaggag ccccttcctg cagaagcagc tcaccaacc agagaccac 1200
   tttggcagag agccagctgc tgccatctca aggccaggg cagatctccc tgctgaggag 1260
   ccggcgccca gcaactcctc atgtctggtg caggcagaag aggaggctgt gtatgaggaa 1320
   cctccagagc aggagacctt ctacgagcag ccccaactgg tgcagcagca aggtgctggc 1380
25 tctgagcaca ttgaccacca cattcagggc caggggctca gtgggcaagg gctctgtgcc 1440
   cgtgcctctg acgactacca ggcagccgac gacacagaga tctcctttga ccccgagaac 1500
   ctcatcacgg gcatcgaggt gatcgacgaa ggctggtggc gtggctatgg gccggatggc 1560
   cattttggca tgttccctgc caactacgtg gagctcattg agtgaggctg agggcacatc 1620
   ttgcccttcc cctctcagac atggcttctt tattgctgga agaggaggcc tgggagttga 1680
30 cattcagcac tcttccagga ataggacccc cagtgaggat gaggcctcag ggctccctcc 1740
   ggcttggcag actcagcctg tcaccccaaa tgcagcaatg gcctggtgat tcccacacat 1800
   ccttctctga tcccccgacc ctcccagaca gcttggctct tgcccctgac aggatactga 1860
   gccaaagccct gcctgtggcc aagccctgag tggccactgc caagctgcgg ggaaggggtc 1920
   tgagcagggg catctgggag gctctggtct ccttctgcat ttatttgcct tttttctttt 1980
35 tctcttgctt ctaaggggtg gtggccacca ctgtttagaa tgacccttgg gaacagtga 2040
   cgtagagaat tgtttttagc agagtgtgtg accaaagtca gagtggatca tgggtggttg 2100
   gcagcagggg atttgtcttg ttggagcctg ctctgtgctc cccactccat ttctctgtcc 2160
   ctctgcctgg gctatgggaa gtggggatgc agatggccaa gctcccaccc tgggtattca 2220
   aaaacggcag acacaacatg ttctccaacg cggctcactc gatgcctgca ggccccagtg 2280
40 tgtgcctcaa ctgattctga cttcaggaaa agtaacacag agtggccttg gcctgtgtgc 2340
   ttccccctatt ttctgtccca gctcatccgt gtctctgaag aacaaatatg cttttggacc 2400
   aaaaaaaaaa

```

2410

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 44:

45

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2333 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

50

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

55

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

5 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 44

```
10  tgaaaaatgc ggacagtata ttcagaaagg ctattccaag ctcaagatat ataattgtga 60
    actagaaaat gtagcagaat ttgagggcct gacagacttc tcagatacgt tcaagttgta 120
    ccgaggcaag tcggatgaaa atgaagatcc ttctgtggtt ggagagttaa agggctcctt 180
    tcggatctac cctctgccgg atgaccccag cgtgccagcc cctcccagac agtttcggga 240
    attacctgac agcgtccac aggaatgcac ggtaggatt tacattgttc gaggcttaga 300
    gctccagccc caggacaaca atggcctgtg tgacccttac ataaaaataa cactgggcaa 360
15  aaaagtcatt gaagaccgag atcactacat tcccaacact ctcaacccag tctttggcag 420
    gatgtacgaa ctgagctgct acttacctca agaaaaagac ctgaaaattt ctgtctatga 480
    ttatgacacc tttaccggg atgaaaaagt aggagaaaca attattgatc tggaaaaccg 540
    attccttttc cgctttgggt cccactgcgg cataccagag gactactgtg tttctggagt 600
    caatacctgg cgagatcaac tgagaccaac acagctgctt caaaatgtcg ccagattcaa 660
20  aggtctccca caacccatcc tttccgaaga tgggagtaga atcagatatg gaggacgaga 720
    ctacagcttg gatgaatttg aagccaacaa aatcctgcac cagcacctcg gggcccctga 780
    agagcggtt gctcttcaca tcctcaggac tcaggggctg gtccctgagc acgtggaaac 840
    aaggactttg cacagcacct tccagcccaa catttcccag ggaaaacttc agatgtgggt 900
    ggatgttttc cccaagagtt tggggccacc aggcctcctt ttcaacatca cccccggaa 960
25  agccaagaaa tactacctgc gtgtgatcat ctggaacacc aaggacgtta tcttgagcga 1020
    gaaaagcatc acaggagagg aaatgagtga catctacgtc aaaggctgga ttcctggcaa 1080
    tgaagaaaac aaacagaaaa cagatgtcca ttacagatct ttggatggtg aagggaattt 1140
    taactggcga tttgttttcc cgtttgacta ccttcagacc gaacaactct gtatcgttgc 1200
    gaaaaaagag catttctgga gtattgacca aacggaattt cgaatcccac ccaggctgat 1260
30  cattcagata tgggacaatg acaagttttc tctggatgac tacttgggtt tcctagaact 1320
    tgacttgctg cacacgatca ttcctgcaaa atcaccagag aaatgcaggt tggacatgat 1380
    tccggacctc aaagccatga acccccttaa agccaagaca gectccctct ttgagcagaa 1440
    gtccatgaaa ggatgggtggc catgctacgc agagaaagat ggcgcccgcg taatggctgg 1500
    gaaagtggag atgacattgg aaatcctcaa cgagaaggag gccgacgaga ggccagccgg 1560
35  gaaggggcgg gacgaaccca acatgaaccc caagctggac ttaccaaadc gaccagaaac 1620
    ctcccttcctc tgggttcacca acccatgcaa gacctgaag ttcacgtgtg ggcgccgctt 1680
    taagtgggtc atcatcggtc tgctgttctt gcttatcctg ctgctcttcg tggccgtgct 1740
    cctctactct ttgcccgaact atttgtcaat gaagattgta aagccaaatg tgaacaaaag 1800
    gcaaaggctt catttcaaga gtcacccagc aatgagagaa tctgcctct gtagacaaac 1860
40  atccagtgtg attttgtgtc tgagaccaca cccagtagc aggttacgcc atgtcaccga 1920
    gccccattga ttcccagagg gtcttagtcc tggaaagtca ggccaacaag caacgtttgc 1980
    atcatgttat ctcttaagta ttaaaagttt tattttctaa agtttaaadc atgtttttca 2040
    aaatatTTTT caaggtggct ggttcattt aaaaatcatc tttttatatg tgtcttcggt 2100
    tctagacttc agcttttgga aattgctaaa tagaattcaa aaatctctgc atcctgaggt 2160
45  gatatacttc atatttgtaa tcaactgaaa gagctgtgca ttataaaadc agttagaata 2220
    gttagaacaa ttcttattta tgcccacaac cattgtata ttttgtagg atgtcataaa 2280
    agtctattta acctctgtaa tgaaactaaa taaaatgtt tcacctttaa aac 2333
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 45:

50

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1612 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

55

(D) TOPOLOGIE: lin ar

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

10

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 45

```

15  gtcttctttt ttttctttt ttttttttt ttttttttt cctgtggaag tgcttttatt 60
    agcagtaagg ctgatcgta aaaaaattct cagagcttca taggacaagg tagtacaagt 120
    atggatgata caggactgag gaacggggga cggctcaaaa gaaatcaaca tcgtctgggg 180
    catccaggtc ccgatattcc acaatggccc ttgggtctcc acgaaccatc ctgttgcgag 240
    gtttcccagg ataacctccc tggcctcgga aggcatacata gttccctcga ccagcaccat 300
20  acggggcatg ggggtatgga gggcctcctg tggggactgc agggcggaaca gcaccagctc 360
    catagcccaa gatcgggggc cggggctgac catagggcag caggccctgg ggagtctggg 420
    gtgggtaggg gagtccctgg gtcaaacctg gggggagtat ctgggcgggc ccagggtggc 480
    gggctggcct gatctcaggc agagctgggc gcttagcatc agtgagggaag ttgttaaaaa 540
    acgcgacttc ctttttcaact tcttcaattt tctctgcatg cttgttgaag atatgtttgc 600
25  gcacaaactc aggacccttg aatttcttgc cactgagagg acacagccac ttatccttgc 660
    ccagttcctg cgtgttgagg gtgacgaact tctccacttc ctgctctggg tctttgcgcc 720
    ccatcttctg ggcctcttcc tctgagagtg actcccgcac actcagcaac ggcgtgagct 780
    tctctcaaaa agtcttctgc cactccagca cttccccgtg actgatgcgg ttgggtggca 840
    tgggcccccg aacgtgggat atcccacagc gattgggcag ctgcctcctg ttgggtgact 900
30  cacagggtgt gtaataatcc aaggaatgca cgatgcgcag gtaaaggagg agcttgtcca 960
    agaccttaat caacttctca tcccgcctca cgttgatctc tgccgggttc ccttcccttag 1020
    gaggctcttc agaggagcg ccccgcctgc tcccagcag ctectcctcc tcggcgctta 1080
    cttcctcgat caggtagtgc gtgatattct tcaagatcgg gttttgcgag ggcaggctcg 1140
    tgggcagggg aggcgtccct gggtctgagg ccaaagctg tgcctgtca tccagcgtgt 1200
35  ggatcagctt ggcgcgcagc ttgatgtcgt tgcgcacaat ctgcttgtgc tgggtgatgc 1260
    cgttgatgtt gcgaacgcgc cgggtcaggc ccctgttcac accagggtc agctcacact 1320
    cccggagacg gatgttctgc aggttccaac agatctcttt aatgttaaca ctgcggtcga 1380
    aggtcaccca gccacgacgg aaaaacctcc tctctggctg gggctctgag agcgccaccc 1440
    gcataaagcc tgggtacctt ttacaaagg agatgatctc ggcccgagg atgttggcg 1500
40  cgtgttgctg catgaagagg gagcaggtct tatgcagcgg ccgcggcttg cactccagcc 1560
    ccgcggcgct cttgggcttc tccattctt cttccttggg cttctccttc tc 1612

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 46:

45

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1106 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

55

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

5

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 46

10

```

gaaagctctg gctttcaggc tataggaaga gcagaagatg atgccagaag ttgctgggtt 60
aaaaccagcg agtccacccg tccttaccag ctcttcagaa ggcggagacc gaccctgata 120
acttaccgga tatttcgtca cagaagacac aaagacacat ccagcgggga ccacctcacc 180
tgcagattag accccaagc caaagacctg aaggatggga cccaggagga ggccacaaaa 240
aggcaagaag cccctgtgga tccccgcccg gaaggagatc cgcagaggac agtcatcagc 300
tggaggggag cgtgatcgga gcctgagcag ggcaccgagc tcccttcaag aagagcagaa 360
gtgcccacca agcctccccct gccaccggcc aggacacagg gcacaccagt gcatctgaac 420
tatcgccaga agggcgtgat tgacgtcttc ctgcatgcat ggaaaggata ccgcaagttt 480
gcatggggcc atgacgagct gaagcctgtg tccaggtcct tcagtgaagt gtttggcctc 540
ggcttcacac tgatcgacgc gctggacacc atgtggatct tgggtctgag gaaagaattt 600
gaggaagcca ggaagtgggt gtcgaagaag ttacactttg aaaaggacgt ggacgtcaac 660
ctgtttgaga gcacgatccg catcctgggg gggctcctga gtgcctacca cctgtctggg 720
gacagcctct tcctgaggaa agctgaggat tttgaaatc ggctaatacc tgccttcaga 780
acaccatcca agattcctta ctcgatgtg aacatcggtg ctggagtgtc ccaccgcgca 840
cgggtggacct ccgacagcac tgtggccgag gtgaccagca ttcagctgga gttccgggag 900
ctctcccgtc tcacagggga taagaagttt caggaggcag tggagaaggt gacacagcac 960
atccacggcc tgtctgggaa gaaggatggg ctggtgccca tgttcatcaa taccacagtt 1020
gggcctgttt caccacactg gggcgtatct cacgggtggg cgccaggggc cgacagctta 1080
ttattgagtt acctgtttga aaggca 1106

```

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 47:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 (A) LÄNGE: 1370 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

40

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

45

(vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

50

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 47

```

5  gcggtggcga ggggcgtaac ggttgttgta gtccggcccc ctctggctg gtccagccac 60
   attaacgggc aggatgtcgg aggtgcggct gccaccgcta cgcgccctgg acgactttgt 120
   tctggggtcg gcgcgtctgg cggctccgga tccatgcgac ccgcagcgat ggtgccaccg 180
   cgtcatcaac aacctcctct actaccaaac caactacctt ctctgcttcg gcatcggcct 240
10 cgctctcgcc ggttacgtgc ggccacttca tacgctcctg agcgcgctgg tagtggcggt 300
   ggccctcggc gtgctggtgt gggcagctga gacccgcgca ctgtgcgccc ctgccgccgc 360
   agccaccctg cagcctgcct ggccgcagtg cttgccgtcg gcctcctggt gctctgggtc 420
   gcgggcggcg cttgcacctt cctgttcagc atcgccgggc cgggtgcttct gatcctggtg 480
   cacgcctcgt tgcgcctgcg caaccttaag aacaagattg agaacaagat cgagagcatt 540
15 ggtctcaagc ggacgccaat gggcctgcta ctagaggcac tgggacaaga gcaggaggct 600
   ggatcctagg cccctgggat ctgtaccag gacctggaga ataccacccc acccccagcc 660
   cataattggg acccagagcc ctttcccagc acttaaaaca ggagcctaga gccccctgcc 720
   caaacaaaac aggacatctg tgaccgccct acccccacgc cagccccaaa ctaagatatc 780
   cctcacaccc agccccatt acctagggac aagagtcttc cccagccttg aacctaggac 840
20 caagagccac ctacatccag ccccaaaact ggggcttcag gccagagcat ccatggccaa 900
   tttcaaattg tgaacccaga gacactccca tccacccttc tccatgctca tccccaaact 960
   ggggcctgga gcaaggcact ctcaaactct gaaccctgga ccaaagcttt tccagacccc1020
   accctacctt ccaacccagg tcaagacatt gccaaactct gaactcagaa cccaagtgtt1080
   ccatgcccct gtgtggatgg agtcgggtat cctgactgtt ggacccttg tccaggtgat1140
25 cccgaccctc accagtccca tttgcctccc tccagctctg cttaggcatt ttgcccctca1200
   cccaatgtt ccacaccatc gacaaccaag ggggtgaggtg gggacaggcc tcagcaggga1260
   atggggcgta tatgttagtg ttgctgcaac aataaagcct gttgcatctc tcatgccaaa1320
   aaaaaaaaaa aagtcgaccg gccgcaaata tagtagtagt agtcgtccgc 1370

```

25 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 48:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 30 (A) LÄNGE: 617 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

35 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

40 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- 45 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 48

```

50  ctctagtttt attaaatgat gtacaatttg gccagtttgg agatgaccca aaggagggaag 60
   taatggttct ggagagaatc ttactggcag accatcaagg ttgatttaca ggtagaacat120
   ccataccagt tcctactaaa atatgcaaag caactcaaag gtgataaaaa caaaattcaa180
   aagttggttc aaatggcatg gacatttgta aatgacagtc tctgcaccac cttgtcactg240
   cagtgggaac cagagatcat agcagtagca gtgatgtatc tcgcaggacg tttgtgcaaa300
   tttgaaatac aagaatggac ctccaaaccc atgtatagga gatggtggga gcagtttgtt360
55  caagatgtcc cggtcgacgt tttggaagac atctgccacc aaatcctgga tctttactca420
   caaggaaaac aacagatgcc tcatcacacc ccccatcagc tgcaacagcc cccatctcct480
   gagcctccca ccccgctgcc tgggccctgt ggttgctggg cctccacact caaggagggg540

```

aaggttgtag agcccggaacc cgtggagcaa tgccctgtct ggcctccaaa accaaaataa600
aactgggtca ctttaaa 617

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 49:

5

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1899 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

10

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

15

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

20

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 49

30 tgtgtgaggc ccaacagcgg aatcatcgat gcaggggcct gaattaatgt atctgtgatg 60
ttacagcctt tcgattatga tcccaatgag aaaagtaaac acaggttatg gttcagtcta 120
tgtttgctcc aactgacact tcagatatgg aagcagtatg gaaggaggca aaaccggaag 180
accttatgga ttcaaaactt agatgtgtgt ttgaattgcc agcagagaaat gataaaccac 240
atgatgtaga aataaataaa attatatcca caactgcatc aaagacagaa acaccaatag 300
tgtctaagtc tctgagttct tctttggatg acaccgaagt taagaaggtt atggaagaat 360
gtaagaggct gcaagggtgaa gttcagaggc tacgggagga gaacaagcag ttcaaggaaag 420
35 aagatggact gcggatgagg aagacagtgc agagcaacag cccattttca gcattagccc 480
caactgggaa ggaagaaggc cttagcaccg ggctcttggc tctgggtggtt ttgttcttta 540
tcgttggtgt aattattggg aagattgcct tgtagaggta gcatgcacag gatggtaaat 600
tggtattggtg gatccaccat atcatgggat ttaaatttat cataaccatg tgtaaaaaaga 660
aattaatgta tgatgacatc tcacaggctt tgcccttaaa ttaccctctc ctgcacacac 720
40 atacacagat acacacacac aaatataatg taacgatctt ttagaaagt aaatatgtat 780
agtaactgat tgagggggaa aagaatgatc tttattaatg acaagggaaa ccatgagtaa 840
tgccacaatg gcatattgta aatgtcattt taaacattgg taggccttgg tacatgatgc 900
tggtattacct ctcttaaaat gacacccttc ctgcctgtt ggtgctggcc cttggggagc 960
tgtagccag catgctgggg agtgcggtca gctccacaca gtagtcccca cgtggcccac1020
45 tcccgcccca ggctgctttc cgtgtcttca gttctgtcca agccatcagc tccttgggac1080
tgatgaacag agtcagaagc ccaaaggaat tgcactgtgg cagcatcaga cgtactcgtc1140
ataagtgaga ggcgtgtgtt gactgattga ccagcgctt tggaaataaa tggcagtgtc1200
ttgttcactt aaagggacca agctaattt gtattggtc atgtagtga gtcaaaactgt1260
tattcagaga tgtttaaatg atatttaact tatttaatgt atttcatctc atgttttctt1320
50 attgtcacia gactacagt aatgctgcgt gctgctgaac tctgttgggt gaactggat1380
tgctgctgga gggctgtggg ctctctgtgc tctggagagt ctgggtcatg ggaggtgggg1440
tttattggga tgctggagaa gagctgccag gaagtgtttt ttctgggtca gtaaataaca1500
actgtcatag ggagggaaat tctcagtagt gacagtcaac tctagggttac cttttttaat1560
gaagagtagt cagtcttcta gattgttctt ataccacctc tcaaccatta ctacaccttc1620
55 cagcgccag gtccaagtct gagctgacc tcccttggg gacctagcct ggagttagga1680
caaatggatc gggctgcaga ggggtgaag cgagggcacc agcagttgtg ggtggggagc1740
aagggaagag agaaactctt cagcgaatcc ttctagtact agttgagagt ttgactgtga1800

attaattttta tgccataaaa gaccaaccca gttctgtttg actatgtagc atcttgaaaa1860
 gaaaaattat aataaagccc caaaattaag aaataaaaa 1899

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 50:

5

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1398 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

10

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

15

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

20

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 50

agaatgtcgg gcggtgctgc gaggcccaag cccgggcccgg ggccgcctcc ctcaacgcct 60
 cccttgacgg cctccacaac gcactcttcg ccactcagcg cagcttgagg cagcaccagc 120
 30 ggctcttcca cagcctcttt gggaacttcc aagggtcat ggaagccaac gtgagcctgg 180
 acctggggaa gctgcagacc atgctgagca ggaaagggaa gaagcagcag aaagacctgg 240
 aagctccccg gaagaggagc aagaaggagc cggagccttt ggtggacata cgggtcacag 300
 ggctgtgccc aggtgccttg ggcgcggcgc tctgggaggc aggatcccct gtggccttct 360
 atgccagctt ttcagaaggg acggctgccc tgcagacagt gaagttcaac accacataca 420
 35 tcaacattgg cagcagctac ttcctgaac atggctactt ccgagcccct gagcgtggtg 480
 tctacctgtt tgcagtgagc gttgaatttg gccaggggcc aggcaccggg cagctgggtg 540
 ttggagggtca ccacgcgact ccagtctgta ccactgggca ggggagtgga agcacagcaa 600
 cggctctttgc catggctgag ctgcagaagg gtgagcagat atggtttgag ttaaccagg 660
 gatcaataac aaagagaagc ctgtcgggca ctgcatttgg gggcttcctg atgtttaaga 720
 40 cctgaacccc agccccaatc tgatcagaca tcatggactc gccagctct cctcggcctg 780
 gggctctggc caaggatggg ctggagggtca ttcagttggt ctgtctcttc cctggaaacc 840
 ttctgcaaag atggtgtggt gtacgtggct tccctgtaac cacatggggc ttggccattt 900
 ctccatgatg agaaggactg gaatgcttct ccgggcagga catggctcta ggaagcctga 960
 accttggttt ggcatgcctt ctgagacagc acggcctggg ctccaactct tcaccacacc1020
 45 ctgtattcta caacttcttt ggtgttttgc tcctcctgtg gttggaaact tctgtacaac1080
 actttaaact tttctcttgc ttctcttct ctctcctt atcgtatgat agaaagacat1140
 tcttcccag gaggaatgtt taaaatggag gcaacatttt ggccaacatt ggaagcact1200
 agagggaat gggattaaac caacctgctt ggtctctatt agtcagtaat gaagacgacal260
 gcctggccaa ccaagggaag ggaaattagt atcttttagt tcagtcattc cttgtagggg1320
 50 tatgggtttt agcttgtggc cccaccgaa aagattcatc ttggattgtt aatgcctatt1380
 attccccaca ttaagggg 1398

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 51:

55

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1340 Basenpaare

- (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

10 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

15 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 51

20 tttggcatca tttaacaattt catagaatta ctgtgaaggc ctttctagtt gagatggttg 60
 ggtatttggg attctaattg ttaaccccag aagaaggtaa tttagcttgt atttatttta 120
 aaccatttta gccttttact tatactctgg agaattccag tgatcatcct aataaggat 180
 atttcagaat aatttttttt tccttcagaa taacttagaa tcagatgcta taagggtctc 240
 25 taggagcagt gtgaaatttc cgtaaagata aatttgaatg ttgtaaccaa gtttatatta 300
 aaccaagagg ccatttccaa tatgattttt tgtttctttt taacttgta agtccctaag 360
 agattacatg ctagggttg agtcatttct attgtagata atgatggccc acacagtcac 420
 cttcaactat ccacataagc taggctttcc gcttttgcca cggacagtgt gaccaagata 480
 tttccagagt aaataaccca ccacaacctt ggtaattcct cttttcttct taagctccag 540
 30 gaagcgaaag cagaaggact cttttcagac tgccctctgt agcctacatt gcagctttcc 600
 aaaacaggca gctagcactg ggaaagccca tgtggtgacc ccatattttt ctgaggttct 660
 tcttttccat ggtgttactt tattatcaga aagtaaatc agaaaacagg tcttgccctt 720
 agcagacaag aaccacacca gtttcttgta aaggtaacgg atacattggg attcaggagt 780
 gacacagagg tccagcccca gaacttgtaa ggattttgtt tgaacactga gcagatgcct 840
 35 cctccctgcc acccatcaca ctagttaggg ctggccatga attctatgcc agagtcactc 900
 ctgcagtctg ctagggatgg gccttcttat cccactctcg cacacatccc agtctagtct 960
 ttgccttcac agagtccctc ttgacacccc tgacttaatg atagttgctg ttttgagta1020
 gaattgatca ggtttaagtc atcctgctca ggttgggcat agtggctcat gcctgtaatc1080
 tcagcacttt gggagccaa agtgggagga ttgcttgagc ccaggagttc caaacatcc1140
 40 tgggcaacag agggagacc tgtctctacc aagaaaaaaa aaaaaaaa aaagttaaaa1200
 aaacaattag ctggacctgg tgggtcacac tcagtaggct gaggtgaaag gattccttta1260
 acatgggaga ctgaagatgc agtgagccat gaatcagcaa ctgcacacca gtatgagaga1320
 aaaagtggaa ccctatcaca 1340

45 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 52:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 (A) LÄNGE: 315 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 50 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

55 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

5 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

10 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 52

15 atcagcacat caattgcagc attgtggcta ccagggggtc aggatgcggg cgggtggagcc 60
ctctggcctt tgtgtggtag ccgaggactc tgtgtcagcg accgttttcc gggaaacttc120
cgggcgagac tcacatcttg gaaattcaaa tactcaatag ctctcgaatt ctaggaatct180
tgagaagagg cctggattaa ggattcagac gtgggccctc agatggctat ggcattgctg240
gttctaccaa cgtgacaggt gatcaagtta agaagctgga cgtcctctcc aacgacctgg300
gtatggaaca ggtta 315

20 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 53:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1162 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

25 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

30

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

35 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

40 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 53

45 cggctcgagc ggctcgagat tcgaggtcgt ggtggtcttg gaagagcgtc gagggggccg 60
tggaacgtga atgggccgag gagatggatt tgattctcgt ggcaaactg aatttgatag 120
gcatagtga agtgatagat ctggcctgaa gcacgaggac aaacgtggag gtagcggatc 180
tcacaactgg ggaactgtca aagacgaatt aacagagtcc cccaaatata ttcagaaaca 240
aatatcttat aattacagtg acttggtatca atcaaatgtg actgaggaaa cacctgaagg 300
tgaagaacat catccagtgg cagacactga aaataaggag aatgaagttg aagaggtaaa 360
50 agaggagggt ccaaaagaga tgacttttga tgagtggag gctattcaaa ataaggaccg 420
ggcaaaagta gaatttaata tccgaaaacc aatgaagggt gctgatgggc agtggaagaa 480
gggatttggt cttcataaat caaagagtga agaggctcat gctgaagatt cggttatgga 540
ccatcatttc cggaaaccag caaatgatat aacgtctcag ctggagatca attttgga 600
ccttggccgc ccaggacgtg gcggcagggg aggacgaggt ggacgtgggc gtggtgggcg 660
55 cccaaaccgt ggcagcagga ccgacaagtc aagtgcctct gctcctgatg tggatgacc 720

```

agaggcattc ccagctctgg cttacttgga tgccataaga caaccctggt tcctttgtga 780
acccttctgt tcaaaagcttt tgcattgctta aggattccaa acgactaaga aattaaaaaa 840
aaaaagactg tcattcatac cattcacacc taaagactga attttatctg ttttaaaaat 900
gaacttctcc cgctacacag aagtaacaaa tatggtagtc agttttgtat ttagaaatgt 960
5 attggtagca gggatgtttt cataattttc agagattatg cattcttcat gaatactttt1020
gtattgctgc ttgcaaatat gcatttccaa acttgaaata taggtgtgaa cagtgtgtac1080
cagttaaaaa aatcacaaaa aaaaaaaatt ttaattaagg atttagaagt tcccccaatt1140
acaaactggt tttaaatatt gg 1162

```

10 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 54:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1826 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

15 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

20

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

25 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

30 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:54

```

cggtctgagg cccccgcctt gttcgccccg cggcaccggc ccgcgccccg ccatggagga 60
35 cctggatgcc ctgctctctg acctggagac taccacctcg cacatgccaa ggtcaggggc 120
tcccaaagag cgccctgagg agcctctcac cctccccc a tctatggcc accagccaca 180
gacaggggtct ggggagtctt caggagcctc gggggacaag gaccacctgt acagcacggc 240
atgcaagcct cgtccccaa agcctgcagc cccggcggcc cctccattct cctcttccag 300
cggtgtcttg ggtaccgggc tctgtgagct agatcggtg cttcaggaac ttaatgccac 360
40 tcagttcaac atcacagatg aaatcatgtc tcagttccca tctagcaagg tggcttcagg 420
agagcagaag gaggaccagt ctgaagataa gaaaagaccc agcctccctt ccagcccgtc 480
tcctggcctc ccaaaggctt ctgccacctc agccactctg gagctggata gactgatggc 540
ctcactctct gacttccgag ttcaaaaacca tcttccagcc tctgggcca a ctcagccacc 600
ggtggtgagc tccacaaatg agggctcccc atccccacca gagccgactg gcaagggcag 660
45 cctagacacc atgctggggc tgcctgagtc cgacctcagc cgccgggggtg tccccacca 720
ggccaaaggc ctctgtggct cctgcaataa acctattgct gggcaagtgg tgacggctct 780
gggcccggcc tggcaccgag agcacttctg ttgcggaggc tgttccaccg cctgtggagg 840
cagcagcttc ttcgagaagg atggagcccc cttctgcccc gagtgtactt ttgagcgctt 900
ctcgccaaga tgtggcttct gcaaccagcc catccgacac aagatggtga ccgccttggg 960
50 cactcactgg caccagagc atttctgtct cgtcagttgc ggggagccct tcggagatga1020
gggtttccac gagcgcgagg gccgccccta ctgccgccc gacttccctg agctgttcgc1080
cccgcgctgc cagggtctgc agggcccat cctggataac tacatctcgg cgtcagcgcl140
gctctggcac ccggactgtt tgcctctgag ggaatgcttc gcgccttctt cgggaggcag1200
ctttttcgag cacgaggggc gccggtgtgt cgagaaccac ttcacgcac gacgcggctc1260
55 gctgtgcgcc acgtgtggcc tccctgtgac cggccgctgc gtgtcgccc tgggtcgccg1320
cttccaccgg gaccacttca catgcacctt ctgcctgcgc ccgctcacca aggggtcctt1380
ccaggagcgc gccggcaagc cctactgcca gccctgcttc ctgaagctct tcggctgaca1440

```

```

gcccgcctcgg ctcgccctct cccccggagg ccgcgcctc cgggaaaagc cgggtcctcc1500
agacccccgag gccttgctct cagagcgga ggccccacc actggagagc cccgccccta1560
aggtactatg agtcctcagg ggtcaagttc agaaacggc cagccagacc taaaccacal620
cgccccacaaa gtggattgca cacagacaag aactcccggt cgggcctcca ctctattccc1680
5 acccttgagg gagccccctt actgggggag ggtccttgca attccagcga atcggaggcc1740
aggccaggac gtccttgctc cctgcaccct cactgttctg tgcacttttt ctacctacat1800
aaacacacgc attccacctc aaaaaa 1826

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 55:

10

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1114 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

15

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

20

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

25

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 55

```

gatgaagtag atgactttga ggacttcac ttcagccact tctttggaga caaagcactg 60
aagaagaggt caggaagaa ggacaagcac tcacagagcc caagagctgc gggggccagg 120
35 gaggggcaca gcatagggg ctgacaccct gcccacagg gaatggcctt ggcttgccc 180
agcccaagat cccagcgta tctaactcct ggagggtgga ctctgtcctg gcttgtttg 240
tgtcctcaga tatctttcac acagtagagc aaaatcacca gccctgcact gatgtcactt 300
tatgtagaaa aaggccttag ctggacctgc gttgccgtct atgcaaatgc atgcaaatac 360
tccaggccct gggatgtggg cttgtgttt gtcactgtga agggggagat gggagaggag 420
40 cctgttttg gggtgggtct ggggaaggca atctgattct gaagctaaag agctttcac 480
ctcttgagt tatgtcccca tagtgggcc cttgaccac atgctgaccg gtgccttggg 540
atttgactag agttgctggc tcgaggcca gcacaggac ttaccctggg gttttgtag 600
gtttggaagc agctgtcct aggggtgaa gtccccccc ttttttttt tttaccctg 660
cttctccac ggcttcacct ccctatgtga actgtagact cagatcccaa taaagtgtg 720
45 ttgcagctat gatgctagg ggtttctaag cacaggggac acccacacc ccctgcctga 780
atggatgggt ccatcccagg cactgtact tgccccctt tctgtatcc ccctttgcc 840
ttgccttgcc cttccaacaa accctaggcc cttgagaagc tgatacttct ccttttgctc 900
acagctgctt tggccccacc cctgggagat gtagcaaatt gagtgtgggt tttggagtct 960
gagcctcagg ctcaaatcca ggccaagtga tcttgggcaa gttaatctct gggaaactttg1020
50 ggtttcttat cctcaaaaaa ggcgatgaa gggctgggga agtgattaaa taaaagcaac1080
gcaagaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaa 1114

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 56:

55

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1644 Basenpaare

- (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 5 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- 10 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

- 15 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 56

20 ctcgagccgt gcaagtggaa taacacgggc tgccaggccc tgcccagcca agaacgaagg 60
 ccccagcaag gccttcgtga actgtgacga gaacagccgg cttgtctccc tgaccctgaa 120
 cctggtgacc agggctgatg agggctggta ctggtgtgga gtgaagcagg gccacttcta 180
 tggagagact gcagccgtct atgtggcagt tgaagagagg aaggcagcgg ggtcccgcga 240
 25 tgtcagccta gcgaaggcag acgctgctcc tgatgagaag gtgctagact ctggttttcg 300
 ggagattgag aacaaagcca ttcaggatcc caggcttttt gcagaggaaa aggcggtggc 360
 agatacaaga gatcaagccg atgggagcag agcatctgtg gattccggca gctctgagga 420
 acaaggtgga agctccagag cgctgggtctc caccctgggtg cccctgggccc tgggtgctggc 480
 agtgggagcc gtggctgtgg ggggtggccag agcccgccac aggaagaacg tcgaccgagt 540
 30 ttcaatcaga agctacagga cagacattag catgtcagac ttcgagaact ccagggaatt 600
 tggagccaat gacaacatgg gagcctcttc gatcactcag gagacatccc tcggaggaaa 660
 agaagagttt gttgccacca ctgagagcag cacagagacc aaagaaccca agaaggcaaa 720
 aaggtcatcc aaggaggaag ccgagatggc ctacaaagac ttcctgctcc agtcagcac 780
 cgtggccgcc gaggccagg acggcccccga ggaagcctag acggtgtcgc cgcctgctcc 840
 35 ctgcacccat gacaatcacc ttcagaatca tgtcgatcct ggggccctca gctcctgggg 900
 accccactcc ctgctctaac acctgcctag gtttttccta ctgtcctcag aggcgtgctg 960
 gtccccctct cagtgcacac aaagcctggc ctaattgttc ctattgggga tgagggtggc 1020
 atgaggaggt cccacttgca acttctttct gttgagagaa cctcaggtag ggagaagaat 1080
 agaggtcctc atgggtccct tgaaggaga gggaccaggg tgggagagct gattgcagaal 1140
 40 aggagagacg tcgagcgccc ctctgcaccc ttatcatggg atgtcaacag aatttttccc 1200
 tccactccat cccctccctc cgctcctccc ctcttcttct ttccttccat caaaagatgt 1260
 atttgaattc atactagaat tcagggtgctt tgctagatgc tgtgacaggt atgccaccaal 1320
 cactgctcac agcctttctg aggacaccag tgaaagaagc cacagctctt cttggcgat 1380
 ttatactcac tgagtcttaa cttttcacca ggggtgctca cctctgcccc tattgggaga 1440
 45 ggtcataaaa tgtctcgagt cctaaggcct taggggtcat gtatgatgag catacacaca 1500
 ggtaattata aaccacatt cttaccattt cacacataag aaaattgagg tttggaagag 1560
 tgaagcgttt ttctttttct tttttttttt tgagacggag gtcttcaactg tcgccaggc 1620
 tggagtgcag tggcgcaatc tcggg 1644

- 50 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 57:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 (A) LÄNGE: 2184 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 55 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

5 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

10 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 57

```

tgcagtggc agagtgcacct ggtataaggg agagggcacc accttgcccc ctgtgctgac 60
tccctgccctt gtgcgagggg agtccatccc gatccggctc ttcctggccg ggtatgagct 120
20 caccgccacc atgcgggaca tcaacaagaa gttctctgtg cgctattacc tcaacctggt 180
gctgatagac gaggaggagc ggcgctactt caagcagcag gaagtgggtg tgtggcggaa 240
gggtgacatc gtacggaaga gcatgtccca ccaggcggcc atcgctcac agcgcttga 300
gggcaccacc tccctgggtg aggtgcggac cccagccag ctgtctgaca acaactgcag 360
gcagtaggcc ccaggggccg agaagatgct gggcaccacc ccagcaccac catctacca 420
25 caccagcggc tggggggcgg ggcggacctt gtgaggctca gttgaccctg tacttgcaac 480
ctgaaaacaa atcatgtttt tgacttaaat tcttttctct ggagaaccca aggggcttgg 540
ggtgggaagc agtctctcct tgggattctg cgcccgatgt gggatagaag aggtagcatc 600
ctggaagcca gcctctctgg ggaacatgag ccccttctct cggggggctg ccttgctgct 660
tagaggagg agagcagaga gcacgcaccc ttggctctg gctctctgag ctctctgata 720
30 caggatctga tccctgccct gggattctga gctgccaaac gggccctggg tagtcacatc 780
ttgtactccc ctttgctgtc ccggaggtag tggcaggagt tgggccagcc ccactaagt 840
ggcaggggaa gactcacgat tgggaagcta cctctttggg aatcttggat gtggtgatct 900
caagtcccc caggccacct ccttctggcc actcactgct gggaccagc cactccctt 960
ctccatcctc tctggattgt cagtaatgtc ctggaacaga agcctgtagg atggccttgg 1020
35 gcacggagaa gccctggggg cagtgtcgtg cacggatggc ggcagtgttg aaccaggag 1080
gctgaaccog gccaccacg gaagatgagt gcatggcaac cgcctgcctt cagtcgctc 1140
cacttggtta cccaaggctc tgggctgttc taggtattgc ttcacgtgcc ccagcaagc 1200
cttaacaaga gggcctggtt cctgaagaa ccaatccag gaaggggctt tgatccctcc 1260
gccttgctga gagtgaacce tcgtctctcc tcaccctcca ttctatttct gggaattggg 1320
40 gcttagtttc gaacctttgg caaggctgtt cttactaatg cccaagcccc ttaccctc 1380
tccctatagg ttacacaggg gagaccaggg cctcggcaga agactgctgc cacacttcc 1440
aatcattctg cttgccaat aggtcatctt caccagttga ctgaccacag tttaggacca 1500
ttggtatcgt gtgtttaaaa aacacatata aaaaaactct tgtgaatatt cttgttatgc 1560
tagagaggaa ggtacttctc cctctacggc tctgcgctgg ggcctatggg agtaaaagt 1620
45 tttactgtcc tttttctgct tccctggaa atgacaggca ttactctccc attggcctcc 1680
cttcccttta tagaaagacc aagcaggccc cactggccaa gaggtacggt atttggcagt 1740
ctgagttctc agtaatttgg aaagttaagg agttggttcc tgtgtcacct ttcagttagt 1800
gtgggaaagg aagacttctg ttttcctgag atcagtgcag tctcaggcct ttggcagggc 1860
tcatggatca gagctgagac tggagggaga ggcatttcgg gtagcctagg agggcgactg 1920
50 gcggcagcag aaccgaggaa ggcaagggtt tttccccac gctgtgtcct gtgttcaggt 1980
gcgacacaca atcctcatgg gaacaggatc acccatgcgc tgcccttgat gatcaaggtt 2040
ggggcttaag tggataagg aggcaagttc tgggttcctt gccttttcag agcatgaggt 2100
caggctctgt atccctcctt ttcctagctg atattctaac tagaagcatt tgtcaagttc 2160
cctgtgtggc ccttcccccc agag 2184
```

55

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 58:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1510 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

10

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

15

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 58

```

agcctgggaa acacagtagg gctccacctc taaaaaaaac aaaaaaatta gccaggcatg 60
tggcgtcata gtagaattaa tcaaaagcaa gaaaatggct ggaggagctg tcttggtggc 120
aggacctcct ggaactggca agacagctct ggctctggct attgctcagg agctgggtag 180
25 taaggtcccc ttctgccc aa tgggtggggag tgaagtttac tcaactgaga tcaagaagac 240
agaggtgctg atggagaact tccgcagggc cattgggctg cgaataaagg agaccaagga 300
agtttatgaa ggtgaagtca cagagctaac tccgtgtgag acagagaatc ccatgggagg 360
atatggcaaa accattagcc atgtgatcat aggactcaaa acagccaaag gaaccaaaca 420
gttgaaaactg gacccagca tttttgaaag tttgcagaaa gagcgagtag aagctggaga 480
30 tgtgatttac attgaagcca acagtggggc cgtgaagagg cagggcagggt gtgataccta 540
tgccacagaa ttgcacctg aagctgaaga gtatgtcccc ttgccaaaag gggatgtgca 600
caaaaagaaa gaaatcatcc aagatgtgac cttgcatgac ttggatgtgg ctaatgcgcg 660
gccccagggg ggacaagata tcctgtccat gatgggccag ctaatgaagc caaagaagac 720
agaaatcaca gacaaacttc gaggggagat taataagggt gtgaacaagt acatcgacca 780
35 gggcattgct gagctgtgcc cgggtgtgct gtttgttgat gaggtccaca tgctggacat 840
tgagtgtctt acctacctgc accgcgcctt ggagctcttc atcgctccca tcgtcatctt 900
tgcattcaac cgaggcaact gtgtcatcag aggcaactgag gacatcacat cccctcacgg 960
catccctctt gaccttctgg accgagtgtat gataatccgg accatgctgt atactccaca1020
ggaaatgaaa cagatcatta aaatccgtgc ccagacggaa ggaatcaaca tcagttagga1080
40 ggcactgaac cacctggggg agattggcac caagaccaca ctgagggtact cagtgcagct1140
gctgaccccg gccaaacttg ttgctaaaat caacgggaag gacagcattg agaaagagca1200
tgtcgaagag atcagtgaac ttttctatga tgccaagtcc tccgccaaaa tcctgggctt1260
gaccaggcag ggataagtta cattgaagtt gagatggctt gagggttttt cagcagctaa1320
gagacttccc caggtgtgcc tggcctgggg tccagcctgt gggcgctttg ccctgggggt1380
45 tgggggctgc ccttcccat tcaggcgctt gggtgcagcg ttgttcaatt tcagttgttg1440
gaaagcgctt ttttttgaa gttagtctta agtgtttccc cttgggtttg ttttgaaaag1500
aacccttctt                                     1510

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 59:

50

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1188 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

55

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 59

```

gagaactcac accatatgtg tcctgttcca gtgcgcgggt ctgtggagag ccgggtgcga 60
gcggcggcag caccagggga aaagagctga gcggagacca aagtcagccg ggagacagtg 120
ggtctgtgag agaccgaata gaggggctgg ggccacgagc gccattgaca agcaatgggg 180
20 aagaaacaga aaaacaagag cgaagacagc accaaggatg acattgatct tgatgccttg 240
gctgcagaaa tagaaggagc tgggtgctgcc aaagaacagg agcctcaaaa gtcaaaaggg 300
aaaaagaaaa aagagaaaaa aaagcaggac tttgatgaag atgatatcct gaaagaactg 360
gaagaattgt ctttggaagc tcaaggcatc aaagctgaca gagaaactgt tgcagtgaag 420
ccaacagaaa acaatgaaga ggaattcacc tcaaaagata aaaaaaagaa aggacagaag 480
25 ggcaaaaaac agagtgttga tgataatgat agcgaagaat tggaaagata agattcaaaa 540
tcaaaaaaga ctgcaaaacc gaaagtggaa atgtactctg ggagttaaac aaacttccta 600
aaaaagctaa agggaaagct caaaaatcaa ataagaagtg ggatgggtca gaggaggatg 660
aggataacag taataaaatt aaagagcggt caagaataaa ttcttctggt gaaagtgggt 720
atgaatcaga tgaatttttg caatctagaa aaggacagaa aaaaaatcag aaaaacaagc 780
30 caggtcctaa catagaaagt gggaatgaag atgatgacgc ctcttcaaaa attaagacag 840
tgccccaaaa gaaggcagaa aagaaggagc gcgagagaaa aaagcgagat gaagaaaaag 900
cgaaactgag gaagctgaaa gaaaaagaag agttagaac aggtaaaaag gatcagagta 960
aacaaaagga atctcaaagg aaatttgaag aagaaactgt aaaatccaaa gtgactgttg 1020
atactggagt aattcctgcc tctgaagaga aagcagagac tcccacagct gcagaagatg 1080
35 acaatgaagg agacaaaaag aacgaaagat aagaagaaaa agaaaggagg acaaggaggg 1140
aaaagagaac agagaaggaa agaagggcct ggcaaaagcc actgtttc 1188

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 60:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2208 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 60

```

g c a g g a c g g c   t c t g g g c c c t   t c c t g g t g a   c t t c a a c g g c   t t c t c c c a c c   t g g a g c t g a g   60
a g g c c t g c a c   a c c t t t g c a c   g g g a c c t g g g   g g a g a a g a t g   g c g c t g g a g g   t c g t g t t c c t   120
g g c a c g a g g c   c c c a g c g g c c   t c c t g c t c t a   c a a c g g g c a g   a a g a c g g a c g   g c a a g g g g g a   180
10 c t t c g t g t c g   c t g g c a c t g c   g g g a c c g c c g   c c t g g a g t t c   c g c t a c g a c c   t g g g c a a g g g   240
g g c a g c g g t c   a t c a g g a g c a   g g g a g c c a g t   c a c c c t g g g a   g c c t g g a c c a   g g g t c t c a c t   300
g g a g c g a a a c   g g c c g c a a g g   g t g c c c t g c g   t g t g g g c g a c   g g c c c c c g t g   t g t t g g g g g a   360
g t c c c c g g t t   c g c a c a c c g   t c c t c a a c c t   g a g g a g c c g   c t c t a c g t a g   g g g g c g c t c c   420
c g a c t t c a g c   a a g c t g g c c c   g t g c t g c t g c   c g t g t c c t c t   g g c t t c g a c g   g t g c c a t c c a   480
15 g c t g g t c t c c   c t c g g a g g c c   g c c a g c t g c t   g a c c c c g g a g   c a c g t g c t g c   g g c a g g t g g a   540
c g t c a c g t c c   t t t g c a g g t c   a c c c c t g c a c   c c g g g c c t c a   g g c c a c c c c t   g c c t c a a t g g   600
g g c c t c c t g c   g t c c c g a g g g   a g g c t g c c t a   t g t g t g c c t g   t g t c c c g g g g   g a t t c t c a g g   660
a c c g c a c t g c   g a g a a g g g g c   t g g t g g a g a a   g t c a g c g g g g   g a c g t g g a t a   c c t t g g c c t t   720
t g a c g g g c g g   a c c t t t g t c g   a g t a c c t c a a   c g c t g t g a c c   g a g a g c g a g a   a g g c a c t g c a   780
20 g a g c a a c c a c   t t t g a a c t g a   g c c t g c g c a c   t g a g g c c a c g   c a g g g g c t g g   t g c t c t g g a g   840
t g g c a a g g c c   a c g g a g c g g g   c a g a c t a t g t   g g c a c t g g c c   a t t g t g g a c g   g g c a c c t g c a   900
a c t g a g c t a c   a a c c t g g g c t   c c c a g c c c g t   g g t g c t g c g t   t c c a c c g t g c   c c g t c a a c a c   960
c a a c c g c t g g   t t g c g g g t c g   t g g c a c a t a g   g g a g c a g a g g   g a a g g t t c c c   t g c a g g t g g g   1020
c a a t g a g g c c   c c t g t g a c c g   g c t c c t c c c c   g c t g g g c g c c   a c g c a g c t g g   a c a c t g a t g g   1080
25 a g c c c t g t g g   c t t g g g g g c c   t g c c g g a g c t   g c c c g t g g g c   c c a g c a c t g c   c c a a g g c c t a   1140
c g g c a c a g g c   t t t g t g g g c t   g c t t g c g g g a   t g t g g t g g t g   g g c c g g c a c c   c g c t g c a c c t   1200
g c t g g a g g a c   g c c g t c a c c a   a g c c a g a g c t   g c g g c c c t g c   c c c a c c c c a t   g a g c t g g c a c   1260
c a g a g c c c c g   c g c c g c t g t   a a t t a t t t t c   t a t t t t t g t a   a a c t t g t c g c   t t t t t g a t a t   1320
g a t t t t c t t g   c c t g a g t g t t   g g c c g a g g g   a c t g c t g g c c   c g g c c t c c c t   t c c g t c c a g g   1380
30 c a g c c g t g c t   g c a g a c a g a c   c t a g t g c t g a   g g g a t g g a c a   g g c g a g g t g g   c a g c g t g g a g   1440
g g c t c g g c g t   g g a t g g c a g c   c t c a g g a c a c   a c a c c c c t g c   c t c a a g g t g c   t g a g c c c c c g   1500
c c t t g c a c t g   c g c c t g c c c c   a c g g t g t c c c   c g c c g g a a g   c a g c c c c g g c   t c c t g a a t c a   1560
c c c t c g c t c c   g t c a g g c g g g   a c t c g t g t c c   c a g a g a g g a a   g g g g c t g c t g   a g g t c t g a t g   1620
g g g c c c t t c c   t c c g g g t g a c   c c c a c a g g g c   c t t t c c a a g c   c c c t a t t t g a   g e t g c t c c t t   1680
35 c c t g t g t g t g   c t c t g g a c c c   t g c c t c g g c c   t c c t g c g c c a   a t a c t g t g a c   t t c c a a a c a a   1740
t g t t a c t g c t   g g g c a c a g c t   c t g c g t t g c t   c c c g t g c t g c   c t g c g c c a g c   c c a g g c t g c t   1800
g a g g a g c a g a   g g c c a g a c c a   g g g c c g a t c t   g g g t g t c c t g   a c c c t c a g c t   g g c c c t g c c c   1860
a g c c a c c c t g   g a c a t g a c c g   t a t c c c t c t g   c c a c a c c c c a   g g c c c t g c g a   g g g g c t a t c g   1920
a g a g g a g c t c   a c t g t g g g a t   g g g g t g a c c   t c t g c c g c c t   g c c t g g g t a t   c t g g g c c t g g   1980
40 c c a t g g c t g t   g t t c t t c a t g   t g t g a t t t t   a t t t g a c c c c   t g g a g t g g t g   g g t c t c a t c t   2040
t t c c c a t c t c   g c c t g a g a g c   g g c t g a g g g c   t g c c t c a c t g   c a a a a t c c t c   c c c a c a a a a g   2100
c g g t c a g t g a   a a a g t c g g t c   c t t t g t c c t a   a a a a a t g a c c   a a g g g g c c a a   g c a a g t t t t g   2160
t g a a c a a a g g   g t g a a g g g g g   a a g t t c g a a a   a g g t t g g a a g   g g a a t t t t   2208

```

45 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 61:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 50 (A) LÄNGE: 283 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

55 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

5

- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 61

10

gaaaagggg agggggagtg acaatctttg cttggggcct atgacttctc cagccccaag 60
 gggagatgcc accgggaaat cccccaatgt ccactagggg gcaggaggcc accgttcttc120
 gtactccgga gaacctggct ggagagctct ttcttgttca cccttccctc cagctgtatc180
 tctgccctgc agataacgtg aaggactgga gcaaggctcg cctggcctat gagcctgtgt240
 15 gggccattgg tactggcaag actgcaacac cccaacaggg aac 283

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 62:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 (A) LÄNGE: 184 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

20

- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

25

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- (iii) ANTI-SENSE: NEIN

30

- (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

35

- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 62

40

aacggaggat gcctaggctt ctggaggcga agaaggacgc ggcaagctgc gaaaagtcac 60
 gggatatctgc aagcatgaaa tgatccgtga atatccgaat ggggcaaccc gtgcaggtga120
 agcctgcaca cctgaataaa tcaggggcag acgcagggaa ctgaaacatc ttagtacctg180
 45 cagg 184

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 63:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 (A) LÄNGE: 1780 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 63

```

tcccccccg gggcaacccc cccatcgggc ccccaaagcg ctgggggttac agccttaagc 60
caccaagccc cggccgacct tcttctatct ttccattctc ctttccaaag ccatggccat 120
gcgctcctgt gtacagggtgc ataaacacat cagtgtgcc a tccctcacat gcatgtcgtt 180
20 ccccaccct ccttcccagg gcttctcttg gctccagcgt tctcttgga cctctgcag 240
atacagcctg tgctggaccc ccagccaggg tgagggtca ttctgctctg tcttcccac 300
tgctcagtt tccccaaaa gctgctttca cgtccttcta gtagggggcc tcccatggg 360
gcaaggatcc cctttaggat tcaatcttct ctctttgggc agttttggct ttgagteccc 420
cagggatcag ggtgagaatg aagaagagct cagtgcgcg aatgacagca gctgggtggg 480
25 tgggtgtggg agaggctgag gggaaggcag ctctaagact gggagtggag ttcctggagg 540
tgtggggagg ggggcgtggt ttcaatttag aaaaatctca gccagctcga gccgagagag 600
aatgcgaaag aggaagtctg gaaggagcga ggaatggggg ggggtgcagc gggggccgct 660
cagttgctgt cgtctctgtc caccagcacg gcgtccgact cctcgtgat ctccagcag 720
gcgtgcacgt cggggctgct cccgcgcgcg aggtcgcgcg cctcccccg ctccgccac 780
30 ctccaccatc tcggtggcct tgagcacttc cacctggccc tcgcggatct tcttgacgtg 840
gaaggtgaag ggtggcacct tgtagaccgc ggtcttgag cgcggtaca ccacgtggtc 900
gggcgtgaag gatattgcga acttgctccg cgacgtcttc agtttctcgc gccgctcggc 960
gggcaccagg cgcgtgcccc gcttggtcat gcgcttctcc aggggtgtgc gcgtcttctc 1020
caggttttcc ttggtcttga ggcgcgtctt ctccagggtc tcgcgggtac gcaccttggt 1080
35 ctctccatc ttctccttg agaagcctt cttgaagtgc tccacgcgcc gcaggccctg 1140
cgcttgatac gctctgcgcg ggactcctca ataacctcct caacctccac cgcctcgtcc 1200
gacgaaagct ccagcgccgc tgcgtcctcc tcgggcccgt cgccctcgcc cagctcctcg 1260
ccctccttct ctggcagcgc ctccgactct ttcagcgatt tgctgatgct cagtttggtc 1320
ggcagcttca ctccatcctg gtatgatcat actttaaggt tgccgcccgc cagcagctcg 1380
40 gcctcgttga cctccagctt ctgatctgc cccgcctggc gctccagget gccgcgcagc 1440
gtcttcacgt tgacgtgac cttgcgcacc ttctccagca gcttgctcac cgtattgctc 1500
gtgggtggcg gcgccttgcc cagcttgctc agctcgccct ggatgctctg cactgcgcc 1560
tccatctccg cctgcgcgtc ctccagctgt gcttgagtc gctggatctg gtctacggcc 1620
ccgatgattt tgtccaggag gctcagcacc agcacgccgt tcacctggtc cgacttgatc 1680
45 agctcttctg agccggcccc cgacggctcc tccgctgcct gagccccagc ggaggaagct 1740
ccggggcctc ggcgatcggg gtacccgggc aagcgccgc 1780

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 64:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1652 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

10

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 64

```

15  ctcgagcggc tcgagccgat tcggctcgag cggtctcgaga agaagatatg ctagtctgta 60
    tttttgctgt gctattgagg atcaggacaa tgaactaatt accctggaaa taattcatcg 120
    ttatgtggaa ttacttgaca agtatttcgg cagtgtctgt gaactagata tcatctttaa 180
    ttttgagaag gcttatttta ttttggaaga gtttcttttg ggaggggaag ttcaggaaac 240
    atccaagaaa aatgtcctta aagcaattga gcaggctgat ctactgcagg aggaagctga 300
20  aacccacagt agtggttctt gaagaaattg gactgacata actctctctc cttgttgatg 360
    acttcttggt gcatctcaca cactgtagat ggctactccc ttcagtcca tgtagctca 420
    tgggtgaaga tgatgtcttg tcagtattac tgttttgcta agccgcttca ttcagtcca 480
    cacaattttt ttttaaaagg gaactttagt taattaagt ataagggaact taaatatgaa 540
    ttagaatggg gcagaaagag atacctttt tggaatttt aaagttttaa ggtcagtttc 600
25  tcttaactcg attatgtgca catatgaaaa tggcacatca tatacatgta aaatcaggca 660
    gtatacatctt attaatctt gtatttgaca aaggaaactc ttaaattata atgtgaaacc 720
    tgggttttatg aaaccaaaga ctagtgcagc atttcagcat atgtaaaaag aaaaaaaaaa 780
    gggaattgac atgtcacata tcaaatgaat ggaaactttg ttgaaacttt aaaagcaaaa 840
    tttactccaa agacttgat tggaatttac ataccttttt tttttttttt aaaggactac 900
30  agattatttt taatgactaa attggagtga tacttcttac actaaaaatt atttcttagg 960
    cattctgaat ctgggatgag aaacaggatt gtttcacaat agtaagcaca taatttttaa1020
    ggccaaggca ctttgactc ctgagatgaa ttttttggtg tcataatcaa atacttagtt1080
    gtttttgatg ccccaaaata aagtgagaat ggtaatttgc caggaattct tcataacagt1140
    atcttcaaaa aaacgtgttg ctctcttcac agtattatgt gtaaagtcac tgtttaaaagc1200
35  acgaatgttc cctctgggt acttggttaa gctaaattta ttttgcttcc ctccacttag1260
    aagtgtgca cactttacag cagcttcctt tctttccatg gcactgccta gttaacagaa1320
    gtcttataaa aatttaaaaa gacacatttc ttacaaaaaa gagttgaatg aggtaaaatg1380
    gcattagatg gctctatatt ttttaaaagt atgtaattgt tcagcgtcac ttttctaagt1440
    acttatacat atctaaacat gtcttcattg tttatatttt cacttatata tgctgggctg1500
40  gattaagctt tgttgatgatt gtgaccaaca ttcaggccac gtgagcactg tcttatcaca1560
    tcgccaatta gttgtaataa acgttcaacg tacaaaaaaa aaaaagggcg cagcttcctt1620
    ggggggaatt actggaagcg ggggtaagcg ga
    1652

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 65:

45

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1085 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

50

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

55

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 65

```

gctccctggc ctccctctca gacagcttgg ggggtgtctgt catggccacc gaccaggact 60
cctactccac cagcagcacg gaggaggagc tggagcagtt cagcagcccc agcgtgaaga 120
agaagccctc catgacccctg ggcaaggctc ggcaccggct gagctttgcc agtttcagca 180
15 gcatgttcca cgctttcctc tccaacaacc gcaagctgta caagaagggtg gtggagctgg 240
cgcaggacaa gggctcgtac tttggcagcc tgggtgcagga ctacaagggtg tacagcctgg 300
agatgatggc gcgccagacc tccagcacgg agatgctgca ggagattcgc accatgatga 360
cccagctcaa gagctacctg ctgcagagca ccgagctcaa ggccctggtg gaccccgccc 420
tgcactccga ggaggagctc gaagcaattg tagagtctgc cttgtacaaa tgtgtcctga 480
20 agccccctgaa ggaagccatc aactcatgcc tgcacagat ccacagcaag gatggttcgc 540
tgcagcagct caaggagaac cagttagtga tcctggccac caccaccact gacctaggtg 600
tgaccaccag cgtgccggag gtgccatga tggagaagat cctgcagaag ttcaccagca 660
tgcacaaggc ctactcacct gagaagaaga tctccatcct gctcaagacc tgcaaaactca 720
tctacgactc catggccctc ggcaaccagc ggaagcccta tggggcggat gacttcctgc 780
25 ctgtgctcat gtatgtgtg gcccgcagca acctcacgga gatgcttctc aatgtggagt 840
acatgatgga gctcatggac cccgccctgc agctggggga gggttcctac tatctgacca 900
ccacctacgg ggccctggag cacatcaaga gctacgacaa gatcacggtg acccggcagc 960
tgagtgtgga ggtgcaggac tccatccacc gctgggagcg ccggcgtagt ctcaacaagg 1020
cccgggcctc ccgctcctcc gtacagccac ttcattctgc tgcgtacct ggagcccag 1080
30 cagca

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 66:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

35 (A) LÄNGE: 1393 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

45 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

50

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 66

55

```

gggcagggga gggagttagc gggctgacac aggaaactcc cctgaaacct gtttctcagc 60
ttcccgcccc agctggggca cccactggaa ggagaggcca ggcggaagac cctgggtccg 120
tcatggcctc tgcctgagg ccaccccggtg tccccaagcc taagggtgtc ctgccttcac 180
actactatga gagctttcta gagaagaagg ggccctgtga ccgggattac aagaagtctc 240
5 gggcaggcct gcagggtctc accatattatt tctacaatag caatcgggac ttccagcacg 300
tggagaagct caacttgga gcatattgaga aactcacaga tgagattccc tggggaagct 360
cacgtgacct tggcaccac ttcagcctga ttctccgaa tcaggagatc aagttcaagg 420
tagagacctt ggagtgtcgg gaaatgtgga aaggcttcat cttaacggtg gtggagctcc 480
gtgtcccgac cgacttgacc ctgcttcctg ggcacctata catgatgtct gaagtcttgg 540
10 ccaaagagga ggcgcgccgt gcaactggaga caccctcgtg cttcctgaag gtgagccggc 600
tggaggcaca actgtcctcg gagcgtacc ccgagtgcgg gaacctgctg ctgcggccca 660
gcggggacgg cgccgacggt gtcggtcacc acgcgcgaga tgcacaacgg gacgcacgtg 720
gtccggcatt acaagggtgaa gcgggagggg cccaagtac gtgatcgatg tggaaacagc 780
gttctcttgc acctccctgg acgccgtggt caactatttc gtgtcgcata ccaaaaaggc 840
15 gctggtgcca ttccctgttag acgaggacta cgagaagggtg ctaggctacg tggaaagcca 900
taaggagaat ggcgagaatg tgtgggtggc gccctccgct ccgggcccag gtcctgcacc 960
ctgcacaggt ggccccaaagc cgctgtcacc tgcgtctagc caggacaagc tggccccact 1020
gccccacta ccgaaccagg aagagaacta cgtgaccctc attggagatg gcccagctgt 1080
tgactatgag aaccaagatg tggcttcctc tagttggcca gtcacccctga agccaaagaa 1140
20 gttgccaaag cctcctgcca agcttccaaa gccaccggtt ggacccaagc cagagcccaa 1200
agtctttaat ggtggcttgg gcagggaagc tgccagttca gtttcagccc agcctcttct 1260
ttcccacag gccgggctgg gcagacatgg acggcagagt tacagaagaa gctgggagaa 1320
gaggcggggc actggttagc tggtttcgga cacaccaggg accagcggtg tagttccagg 1380
gcgggccagg tgg 1393

```

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 67:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 30 (A) LÄNGE: 1248 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 35 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- 40 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

- 45 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 67

```

50 ggacagagga agttaagatc atacatgcgg atgtgctggt aacctgcaag aagcaatcat 60
gctgcgggtcc ggtgtgacct cccaaggcat tcaccctggg agtccctggt gctgcacccc 120
aaccagagga gagctcatcg tgggtgacca gagcggggct atccacatct gggacttgaa 180
aacagaccac aacgagcagc tgatccctga gcccagggtc tccatcacgt ccgcccacat 240
cgatcccgac gccagctaca tggcagctgt caatagcacc ggaaactgct atgtctggaa 300
55 tctgacgggg ggcattggtg acgaggtgac ccagctcatc cccaagacta agatccctgc 360
ccacacgcgc tacgacctgc agtgcgctt cagccccgac tccacgctcc tcgccacctg 420
ctcggtgat cagacgtgca agatctggag gacgtccaac ttctccctga tgacggagct 480

```

```

gagcatcaag agcggcaacc ccggggagtc ctcccgcggc tggatgtggg gctgcgcctt 540
ctcggggggac tcccagtaca tcgtcactgc ttctctggac aacctggccc ggctctgggtg 600
tgtggagact ggagagatca agagagagta tggcgccac cagaaggctg ttgtctgcct 660
ggccttcaat gacagtgtgc tgggctagcc tgtgaccct cgggactgcc tgggtcaggt 720
5 ggtggcagct ggagggaccc atgcagcacc caggtcagag cagaccctcc cctgccggcc 780
tgcgccactg gacctgatgg cccctgtgg cgccttgacc tgcctggcca ggctgccctg 840
ggactctcag cccccagttg cttatccaga tgtgacagag ctgcaccaa gccaggctgc 900
acactcctgg actgggctag cctgcactgc ctgggaaagt cggcggagg cccaaagctg 960
ctgaggggtc tgaggctggt gcccaccccc aagctagtgt gttctctgcc cctccctgcc1020
10 cgcgtttcag ggctcctggt catagagaac accaccacca tggccagggt gaagggttta1080
ttagtccctg ccagcagctg tctccctgg tgcaggtggc ctggccagcc cactggattg1140
gggacggggc aggctggggc aggtcggggg ctcagtctgg gaggtataa aagcagaccg1200
acacgcagat gttgctcggg aaaaaaaaa aaaaaaaaa aaaaaaaa 1248

```

15 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 68:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 20 (A) LÄNGE: 1099 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

25 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

30 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- 35 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 68

```

ctcgtgcaat ttcgggcagg gagtgtcaag cctgttgtct taacattttg tataaaaaag 60
40 aacaacagaa attatctgtc atttgagaag tggcttgaca atcatttgag ctttgaaagc 120
agtcactgtg gtgtaatatg aatgctgtcc tagtggtcat agtaccaagg gcacgtgtct 180
ccccttggtg taactgattt cctttttagt cctctactgc taaataagtt aattttgcat 240
tttgagaaaa gaaacattga ttgctaaatc tttttgctgc tgtgttttgg tgttttcatg 300
tttacttggt ttatatgtat ctgttttaag tatgagaggc ttatagtgcc ctccattgta 360
45 aatccatagt catcttttta agcttattgt gtttaagaaa gtagctatgt gttaaacaga 420
ggtgatggca gcccttcctc agcacactgg tggaagagac cccttaagaa cctgacccca 480
gtgaatgaag ctgatgcaca gggagcacca aaggaccttc gtttaagtgt aattgtcctg 540
gcctctcagc catgaccgtt atgaggaaat atccccatt cgaacttaac agatgcctcc 600
tctccaaaag gaattaaaat cgtagcttgt acagatcaag agaataact gggcagaatg 660
50 aagtatgttt gtttattttt ctttaaaaat aaaggatttt ggaactctgg agagtaagaa 720
tatagtatag agtttgcctc aacacatgtg agggccaaat aacctgctag ctaggcagta 780
ataaactctg ttacagaaga gaaaaagggc cgggcacagt ggcttattcc tgtaatccca 840
acactgtgga aggccgaggc aggaggatca cttgagtcca ggagtttgaa acctacctag 900
gcaacatggt gaaaccttgt ctctaccaa ataaaaatta gctgggcatg gtggcacgtg 960
55 cctgtgtgcc cagctacttg ggaggctgag gtgggagcct gggagggtcaa ggctgcagtg1020
agccatgac atgccactgc actccatcct gggtgacagc aagatcttgt ctcaaaaaaa1080
aaaaaaaaa aagtcgacc 1099

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 69:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 5 (A) LÄNGE: 774 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

- 10 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- 15 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

- 20 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 69

25 tttatggagc ctgtactatg taccagatgc agactgtgct agcgggttggg gatacagtga 60
tgacttggtc tgcctctagg tggcagggag ccattttggg ttttcgaaca gaaaagtga120
ataatgaatg ctgagttctt aggaagatta atccaggagt agtctccagg atgtactgga180
aggagagaag ctgaaaccag ggaggctgct gtgtttgcag ttggctgccc agtgctacct240
30 ctgcagagac aatcaatgtc ctgaaggtag ctggtatgtc tgtgtgcaact gacacgagcc300
ttcctaccaa gccccagggg ctccatgctg gagaatgcac gtagggctag ggtgagcact360
aacttcactt caggagagca aggaacagtg tggtctctcc atttttcagt tctgtaagca420
catcaccctt ttctctctcc cttagactgt gtctctgac agctgtttgt tggtaaagcc480
agcagccccct aaagcacgtc ccagccttgt ctctctgtg ctttccccca ccactgctgc540
35 tgcacgcctc atttgctggg ccactttagt ggtggaacca ttagaggctg agtgacttaa600
aggagattga gtctgtctcg accccgagag agagtgggat ggatggatgc atcgtctcat660
ttagaaagtg ttgcctctga ctctaacaca ctcttctctc tttctttacc gccctccctg720
tgtgcgtccc tggggggggcg tgggctaaac cccttccgtc cccctttctc ctte 774

40 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 70:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 426 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
45 (C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

- 50 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

5 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 70

```

10 tagctccagt ctcagctgta tcattttcta actgattttt acaataaaaa tgagagtaaa 60
aatcagttac tctttctaga cattaattag cacattttacg ttaagactct aagtagtata120
aaatgtaa atgctgctacc ctactaagtt actgtcagta aatactgtgt gcagtaaatg180
ttgagtatgg attaatgaa ggatacctct acaattattt ccttttagtca aggttgtagc240
taagaattgg gcttctgaca tacattcttt ttaattcttt tcgtattggg ttttatagca300
15 ctaaaccctaa tttctaacat atttttacac ctgaaatcta cattctaata taaaggtttt360
tttttataac gttcctaaaa tttcaggccc tcagcaggca gtttttgtcc cagttttctt420
caacag 426

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 71:

20 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 (A) LÄNGE: 1417 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 25 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

30 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

35 (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 71

```

gccaaccttc cctcccccaa ccctggggcc gccccagggt tcctgcgcac tgccctgttc 60
tcctgggtgt cactggcagc cctgtccttc ctagagggac tggaacctaa ttctcctgag 120
45 gctgagggag ggtggagggt ctcaaggcaa cgctggcccc acgacggagt gccaggagca 180
ctaacagtac ccttagcttg ctttctctct ccctcctttt tattttcaag ttctttttta 240
tttctccttg cgtaacaacc ttcttccctt ctgcaccact gcccgtaacc ttaccgcccc 300
cgccacctcc ttgtaccccc actcttgaaa ccacagctgt tggcagggtc cccagctcat 360
gccagcctca tctcctttct tgctagcccc caaagggcct ccaggcaaca tggggggccc 420
50 agtcagagag ccggcactct cagttgccct ctggttgagt tggggggcag ctctgggggc 480
cgtggccttg gccatggctc tgctgaccca ctcccagaat ggggaagggt atccctggca 540
ggtgagccgg ctgcagggga caggaggccc ctcccagaat ggggaagggt atccctggca 600
gagtctcccg gagcagagtt ccgatgccct ggaagcctgg gagagtgggg agagatcccg 660
gaaaaggaga gcagtgtctc cccaaaaaca gaagaatgac tccgatgtga cagaggtgat 720
55 gtggcaacca gctcttaggc gtgggagagg cctacaggcc caaggatatg gtgtccgaat 780
ccaggatgct ggagtttatc tgctgtatag ccaggctcctg tttcaagacg tgactttcac 840

```

```

catgggtcag gtggtgtctc gagaaggcca aggaaggcag gagactctat tccgatgtat 900
aagaagtatg ccctcccacc cggaccgggc ctacaacagc tgctatagcg cagggtgtctt 960
ccattttacac caaggggata ttctgagtgat cataattccc cgggcaaggc cgaaacttaa1020
cctctctcca catggaacct .tcctgggggtt tgtgaaactg tgattgtgtt ataaaaagt1080
5 gctcccagct tgggaagacca ggggtgggtac atactggaga cagccaagag ctgagtatat1140
aaaggagagg gaatgtgcag gaacagaggc gtcttcctgg gtttggtcc ccgttcctca1200
ctttccctt ttcattccca cccctagac tttgatttta cggatatctt gcttctgttc1260
cccatggagc tccgaattct tgcgtgtgtg tagatgaggg gcgggggacg ggcggccaggc1320
attgttcaga cctgggtcggg gccactgga agcatccaga acagcaccac catctaacgg1380
10 ccgctcgagg gaagcaccgc gcggtttggg cgaagtc 1417

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 72:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
- 15 (A) LÄNGE: 691 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear
- 20 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 25 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:
- 30 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 72
- ```

35 ctgccttccg gtgcgtcggt tacgccagtt tgaaccaaag acgcccagg ttgaggccga 60
gttcacagagc atgggggtctc gggtgtccca gccttttgag tcctatatca ctgcgcctcc120
cgggtaccgcc gccgcgcccc ccaaacctgc gcccacagct acacccggag cgcgcacctc180
cccagcagaa caccgcctgt tgaagacctg ctggagctgt cgcgtgcttt ctgggttggg240
gctgatgggg gcgggcgggg acgtgtactg ggtggcacgg aagcccatga agatgggata300
40 ccccccgagt ccatggacca ttacgcagat ggtcatcggc ctcagcattg ccacctgggg360
tatcgttgtc atggcagacc ccaaagggaa ggcctaccgc gttgtttgaa agtaccacca420
gtgaatctgt cttctgtctc tgtccctttc cccgtgacac acagagcagg catggaattt480
aatgggtgtt ctggacagac acttgtacat ggacagacat cactactgtg gatactacaa540
gactgaaaag aaaatcgtat gttgtcattc tctggctatg gagtgtttgt ggccttcaca600
45 gatttcacag gaaccaataa atccctcaga gaagtaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa660
aaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa a
691

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 73:

- 50 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
- (A) LÄNGE: 1705 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear
- 55

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 73

```

gattcggcat gaggacagag ccctttttga aaataaattg gcattggagt gttttaccct 60
ctagctgttt tacttagaat gtaacatatg ctgcctaccc acctcaaaat gtctgtactg 120
caagagggcc ctgggcctct gctttccata ttacagtttg gccagagttg tagtcccaaa 180
gaagagcatg ggtggcagat ggtagggaat tgaactggcc tgtgcaatgg gcatggagca 240
caaggggtca cagcatgcct cctgccttac cgtggcagta cggagacagt ccagaacatg 300
gtcttcttgc cacggggtgt tgttgtctct ggtgggtctg catgtctgtg gctcaccttt 360
attcttgaaa ctgaggttta cctggatctg gctactgagg ctagagccca cagcagaatg 420
gggttgggcc tgtggccccc caaactaggg ggtgtgggtt catcacagtg ttgccttttg 480
tctcctaaag atagggatct acttttgaag ggaattgttc ctcccaaata aatttgcttt 540
accttggctc tttcttttgt gccagtattc aagtgggtata gctctgagca ggtcacatt 600
tgccaaacc tgacactgtc ttgctgcatt ctcttttggc aaacatcagg gtcagaattc 660
aggatagccc ttcttagggc actggacttt ctggcatggg ggctgtgttt gcacaagtta 720
tttcatgtt acctggagag tgtccagagg ctgctctgag gctgagggtt gttccccctt 780
gcctggttcc agctgtcaga gggataccat cctagggtct gggaatccaa ggccacgaga 840
ctccttggtt tgtggtccga gatcctgtac taaggagggt ctggccagag gaacagacca 900
gcttttgcac aatgaagcgc aagggaacaa gtggtttgcc tgggtgccta cctgtcctga 960
acctggtcct gtgggccatt gaaaagttag atctgtgatc tctggggttt ttgtggcttt 1020
gttcaatgct tccactctag ggcaggcaga gcagtctata ctctcccaag cctgcttgac 1080
ctccaagtag agctgatata gagatctgtg aatattgtga tagaaattct ttggtattca 1140
tacatttcag ctgcaagtca gcaatttccc aggtaccatg taagctataa aacagtcatt 1200
cttaaagaca gaggatagct gtgactcatg ggatcatgag gtccatggct ggttgcagg 1260
tccctttttc ctctctcagg ttttgtctct tctgtgttg tcccagcaa gggagagact 1320
gtggggtgga ttgggagaac agattaggag tatagcaaat gaaccagaa tggacagtg 1380
gggagctaac tgtgaatgag gagagtacct gctgcaggac ctggagggtc ggtgtgaat 1440
ctgtattggc acaggaata aatctcttgg cgtctggagc ctacacctc ccgtcaagtc 1500
cttctgtga tactgccatg gcacaggatc tgagttgcag ctctgcaccc taaatcacac 1560
cctgggcatt gtctgggctg cagggtgccc aggttctgta cttgtgtcca gctgtggccc 1620
tggtgcccgg aaactgggag gggtttcttg tgcccagaat gtagcctgta acgcttgggc 1680
gcctttttaa gccccctg gggcc

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 74:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1516 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

5 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

10 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 74

```

15 gtttattctt agtagttgga actaatgtag tctgactaaa atacacatgg gtgtctgctc 60
 tgtgatgttt aaacttatct gttttgtttg gttttcattt caggaagcag aagtgaagc 120
 aaagcagcaa gcatgaacct taagcactgt gctttaagca tcctgaaaaa tgagtctcca 180
 ttgcttttat aaaatagcag aattagcttt gcttcaaaaag aaataggctt aatggtgaaa 240
 taatagatta gttgggtttt cacatgcaaa cattcaaaat gaatacaaaa ttaaaatttg 300
 aacattatgg tgattatggt gaggagaatg ggatattaac ataaaattat attaataagt 360
20 agatatcgta gaaatagtgt tgttacctgc caagccatcc tgtatacacc aatgatttta 420
 caaagaaaaac acccttcctt ccttctgccca ttactatggc aacttaagtg tatctgcagc 480
 tctacattaa aaaggagaaa gagaaataac ctgtctctca ttccctaagt gcctcattaa 540
 ttttcacgaa caagaatatg tacctttttg atgtatatatt actgcgatta aaaagttctt 600
 gcaggtaatg tttatgatat gttaaactgt gtaatttctt atcgtaatta taacattccc 660
25 attcttttgt agatgaaact tctacatatt gaaccacaga ttttctgagc ttctaaatgt 720
 agcctttcat tgcacatttc agtgatcaga atagatatcc ttttacacgc acaaaagcaa 780
 tagattcatt cagtggacaa gttccttgtt taactacaca gctatgatgg aatgatatat 840
 ccaagtccct tgcctcagtg aaatatgcat atgtatatca tgaaagtggg atgccaaagta 900
 agcttaaaat ggcattctct agcaaagaga ttagactttt aaataactct tataaaacag 960
30 gttggcgatc atttcccaag attggtttcc cttaggtttt tgctaaaaca aatcttagta1020
 gttttgcccc tttaaaacaa ctcacaatcg taaatgctac tattcctaag atatcttacc1080
 tttttatttc agtttagcca tgtattgtat gagtgtatta gtctaagcag tgagaatctt1140
 ttctatgcct ctattccagc aaaaagtaga agtatcaaat aaaaagggca acttttaaaa1200
 tattaagcct gaagacttct aaaaagacaa gaaacatggc ctataataacc aacatagatt1260
35 tacatagtaa gtttcacact acctatttac caaaagcaaa cacctcttac tttaaactac1320
 attatcatgt atatctattg tatgctggtc tttacttttt gccaaaatca acatataatg1380
 aagagatgcc tttgtttcat gagattcaaa cttgatgcta tgcttttaaa taaactcagt1440
 acttttagaa acataaaaaa aaaaaaaaaa aggcgacccc ccgagtagtg ggcccgcgcc1500
 cggggatttt tccggg 1516

```

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 75:

45 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
(A) LÄNGE: 1490 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

55 (vi) HERKUNFT:



(A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

5 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 75

```

10 gaataaaggg ctggccagac ccagtggcgt cctttcccag acctttcttg gcacaaagcc 60
 tttgctgcct ggcttggagg ccctgcggcc tacattctct ggaccccact atgtgcctgg 120
 caaagggcta gtgccttgag gaaactgagg tagctgggtt ggtccccttc caggaattca 180
 gagtctggtg gcaggggcat gggaaataga cagatgtaat tctatagcct gggcctggca 240
 ccctccacct ccacgcccc aagcattgac cttacgcctc ccttgcccca cgttagatgg 300
 tttcttcccg ttttgcactc tggctgcccc ttggagtctc ctggggagct gtaatatctc 360
15 tttggagatt cagattgagc tggctaggt tgtggcccag gcattgggca ttttggaagc 420
 ccccagggtg tttcagcttg cagccaggcc gagagagagc ccctgagtca gatcccatg 480
 gtttaggcac acctagcggg aggggtggct cctggacccc accgtggttg gagagctgag 540
 catgtgtgtg gcttttagtg ggtctgttag ttatgggggt ctgggcaact gagctgcagg 600
 acacttggga tcccagggtc gaaagggcca gatgagcaac taggaaagac ttgggggcca 660
20 gggcggagtg ggtcacctg acactcttgt gaggcccctt ctagtgcctg ctcacaccgg 720
 aatttcattc actccaagaa gccatcaggg gtaagatacc ttccctttaa cgtcactaag 780
 aaagaagagg cctgccggtg acacagtaag atgccattga tctaaagatg cgtcttgatt 840
 tcagaaaggt ccggaagtgg aaagcaggtt tcagggctgc tgaggtacag ggttctcctg 900
 taggcccagc ggatggtctc aggggtgctg agtgcgtgcg tggtaaattg atggagccca 960
25 ggggcgcctc ctgccagtg cctccaggca ctcaaaccta gcccttctga agccgacctc 1020
 acgtgacctc acagcccctc ctgaaggcgc ctactgatg acgggtgggtg gaataacagc 1080
 ccccagagat gtccagggtt ggaaccccag gacgtgggaa agtggtacct tgcgtggcaa 1140
 aagggaccct gcgcctgtgc ttcagttcag gatttcgttg tggggagatg accgtggatg 1200
 gttgaggttg gccctgagta atcatggggg cccttataag ggaaggggag tcacgaggtg 1260
30 ctgcgcagta agcaaggaag cttctggctg tgaagatggc aagaaggcct ggggccaggc 1320
 gatgaggtgg cccctggagg agctggaaaa ggcattggat tctgccccag agcctccgtg 1380
 gagaacaaca gccgcaactg caagacttca gcctggtgaa aaccattttg gactcctgac 1440
 ctctagaact gtaagataat aaattgggtg ggttttcaac ctctcaaatg 1490

```

35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 76:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

40 (A) LÄNGE: 2513 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

45

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

50 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

55 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 76

```

ctcgagccga ttcggtttca gcagaaagt atggaaaaag aaactgaaaa gcgcatttct 60
gaaatcgaag atgctgcatt cctggcccga gagaaagcga aacaagatgc tgaatattat 120
5 gctgcacaca aatatgccac ctcaaacaag cacaagttga ccccggaata tctggagctc 180
aaaaagtacc aggccattgc ttctaacagt aagatctatt ttggcagcaa catccctaac 240
atgttcgtgg actcctcatg tgctttgaaa tattcagata ttaggactgg aagagaaagc 300
tcaactcccct ctaaggaggc tcttgaaccc tctggagaga acgtcatcca aaacaaagag 360
agcacagggt gatgcaagag gtggaaatgt tctccatatt aagatgtggc ccaaggggtt 420
10 aagtgggaac aatcattata cggactcttc agatttacag agaacttaca cttcatcttc 480
tccacctctc ctgcgatagt cctgggtgct ccactgattg gaggatagag ccagctgtct 540
gacacacaaa tgggtctttc agccacagtc ttatcaagta tcctatatgt attcctttct 600
aaactgctac tcatgaatga ggaaagtctg atgctaagat actgcctgca ctggaatgtt 660
aaacactaaa tatataacaa gctgtgtttt cctaagctga gatctgttga ataatgttta 720
15 cattcgtccc ccggggaaat gtatgctcag ccaccattca agagatgact gagaaggaga 780
tggttaagttc aagaagactg attgcacctg ggaccaggc cttttctttg ggatccagtc 840
ccagccttca tccatgtgat taagatccag gccgctgaag ttcccaggga aatgatcttc 900
cacttgagca accttttact tgatacgatt tgcaccttc tgttttcctg cagtcagggt 960
gggtggcctgc agggacctga gctttgctac ccaaccagat tcctcataga gattcctaatt 1020
20 cactagtttc ttgtattcat aaactcagag atacagaggg cttgggttga agttgggggtg 1080
agatgaaacc tttgctctga gccaaagctc tggggccttg cattccctgc attgggttga 1140
tgactgtcag catcactgcc gcagcatgct tgactaaggt acctggtttt agccacagcc 1200
acctccttgt atgttacctt tcagctctgg ccaagagtgg gacagggttt taaccacaaa 1260
taggagcagc atgcaattcc tagtgacttg ctgcacagta ttgtatcata attacaggaa 1320
25 gtttttattt ttaaaactgg atctggggta tattcatttg ccccatcacc tctgtctaaa 1380
ggcccaagtc ctagggtctg catggtcaca agcacactga tgcctcttaa gattgtttat 1440
ctggagccca catagtgtgg acaaaaagt cacctagaaa gcatccttgg tcatcattgt 1500
ctccttccca cctggcccag agatgcttaa atccaagttg tttctccagc tgtcacctcc 1560
cccaggagat caggattcca ctgacgtcct gggcagccag tgaatttaat tttccatgag 1620
30 aaacaacaga gttaacctgt ggcattagga gacctacttc atgtggacct ttttttctct 1680
tcagtttaac ttttctggag cagtgtgctg cgtagtccgg cctgagtttg tgcagcttgt 1740
taagacaact cttgtgtacg ctatgttgaa gctcaacaaa aaagtcattg gaccacttct 1800
agaaatcttt cagctgtcag gcctgtcagt ctcatgacag tttgttggtt gtgccaacaa 1860
ctttatttgg gaaaggaaa cccagatttg aatgggtctt tcccctgggc cttatcctat 1920
35 agaggcattt gtaatatgga gaaaataatt tttcattttt gtcattttaa ttctataaat 1980
tctctttata aatgaatttt gtgttcttta gttctcctta aaagaacttt tgaattataa 2040
aaataaaatc tttacctgtc gaattgttgc tgcagatgat tgttggtgaa aatctggatc 2100
attgacctct gtgctttcat tcctagagat gttttatagt tacatgagca aaagctgttg 2160
ccccaaagt atggccctgg agggggggct gaggaacagg gaaatgccgc tgtgaagtct 2220
40 taaagcactt ctgcttaaac tcccatgtgt gaggagtgtg cctccctgtg ccctctcagc 2280
tctgaggctg gccgtctttc ggggtgttcc ttttgcaaaa tatacactgt aatcttgagt 2340
ctaaatttat atgttgaaat gctacctttt ttaaaaataa aaactaaata aaattatttt 2400
actatcaaaa aaaaagaaa gggaggggag ggggcggagg gggtaggagg gggggggggg 2460
gagggggggg aggggaatgt ctcgagaggg ggggggtggg ggcgccgtcg agc 2513

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 77:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1962 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

## (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

## (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

## (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 77

```

10 accgacggcc gccctttttc gtcttttttt tttttacatt tcaaataat tttattactt 60
 tccatcttag aaagaatatg aaacctgcat gcaatgctaa tggtttctga catgtacata 120
 gcatataaca cagcagtaca atgcggcata tactgggggg cagtgtgtgg agggggcggt 180
 cttaagggtta tatgtacaga ggaaaggcg catggtcatc ttagctttcg aaagaggact 240
15 gcactgttta acattgaaga attacatggg gaatcacaaa tatattgctt tagtactgca 300
 tgttctgttg tggtagggga aagaaacatg ctttgaaggt tttccctgtg caacagaatg 360
 tgtgtctgta gctgtgtatt gcgcatgtat tcatatattt ttaagttttc tcctaagggt 420
 tttgttgaca gtgttgggaa cctcacatgc ttctgaagca ttaaataattg aacctgtgaa 480
 cctttcagaa atcctcaggt tgggaaagac cccacacctt ctttaaggat catttgtctc 540
20 gccatcacag atctctggaa atgtttccta ggggtgtgaa aaattaacca ggggggaatg 600
 aagcacattt ttctggcaac caaacttgag ttccctcagag aacagatgca gagagacctg 660
 ctctgtcttg cccggctaca ggggccactg tggagtcaca ctgaggctgt gaccggccat 720
 aagcccagga gagcccggtg cagctgtgcc gaggcgccag gacctctaag cggaagcttc 780
 ccaagctagg aatggagcaa cactgcaatg aaatgtgtcc accaagctca ttgttcctcc 840
25 cgggcgctta taaagctcag atgtatagtg acgtatggac aaatacaaaa aaaaaaaaaa 900
 aaaaaaaaaa aaaaaaagcc ttcttttctc acaggcataa gacacaaatt atatattgtt 960
 atgaagcact ttttaccac ggtcagtttt tacattttat agctgcgtgc gaaaggcttc1020
 cagatgggag acccatctct cttgtgctcc agacttcac acaggctgct ttttatcaaa1080
 aaggggaaaa ctcatgcctt tcctttttta aaaatgcttt tttgtatttg tccatacgtc1140
30 actatacatc tgagctttat aagcgcccg gaggaacaat gagcttggtg gacacatttc1200
 attgcagtgt tgctccattc ctagcttggg aagcttccgc ttagaggctc tggcgccctc1260
 gcacagctgc cacgggctct cctgggctta tggccggctc cagcctcagt gtgactccac1320
 agtggccccct gttagccgggc aagcaggagc aggtctctct gcactctgtc tctgaggaac1380
 tcaagtttgg ttgccagaaa aatgtgcttc attccccctt ggtaattttt tacacaccct1440
35 aggaaacatt tccaagatcc tgtgatggcg agacaaatga tccttaaaga aggtgtgggg1500
 tctttcccaa cctgaggatt tctgaaaggt tcacagggtc aatattttaat gcttcagaag1560
 catgtgaggt tcccaacact gtcagcaaaa acctaggag aaaacttaaa aatatatgaa1620
 tacatgcgca atacacagct acagacacac attctgttga caagggaaaa ccttcaaagc1680
 atgtttcttt ccctcaccac aacagaacat gcagtactaa agcaatatat ttgtgattcc1740
40 ccatgtaatt cttcaatgtt aaacagtgc gtcctctttc gaaagctaag atgaccatgc1800
 gccctttcct ctgtacatat acccttaaga acgccccctc cacacactgc cccccagtag1860
 tacgcaggca ttggtaccgg ctggtgttaa aatggctatg ggacatggtc aggaaaccat1920
 ttaggcattg gcattgaggg ttccataatc cgtttctaag ga 1962

```

45 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 78:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
 (A) LÄNGE: 788 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

55 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 78

```

cgttgccccc gccgcgggcg cgagatggat tccgggtgct ggttggttcgg cggcgagttc 60
gaggactcgg tgttcgagga gaggccggag cggcggtcag gaccgcccgc gtcctactgc120
gccaagctct gcgagccgca gtggttttat gaagaaacag aaagcagtga tgatggtgaa180
15 gtgctgactc tcaagaaatt caaaggagac ctggcctaca gacgacaaga gtatcagaaa240
gcactgcagg agtattccag tatctctgaa aaattgtcat caaccaattt tgccatgaaa300
agggatgtcc aggaaggtca ggctcgggtg ctggctcacc tgggtaggca tatggaggcg360
ctggagattg ctgcaaactt ggaaaataaa gcaaccaaca cagaccattt aaccacggta420
ctctacctcc agcttgctat ttgttcaagt ttgcagaact tggagaaaac aattttctgc480
20 ctgcagaaac tgatttcttt gcctcctttt aatccttgga actggggcaa attggcagag540
gcttacctga atctggggcc agctctttca gcagcacttg cgtcatctca gaaacagcac600
agtttcacct caagtgcaca aactatcaaa tccttctttc cacactcagg aaaagactgt660
cttttgtgtt ttcttgaaac cttgcctgag agctctttaa ttttctgtgg aagggatacg720
aggaatggca ggaaaattgg gaagttttgc aaatgtgcc aactgggttg agaaaggggg780
25 acagggtt 788

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 79:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

30 (A) LÄNGE: 299 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

40 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

45 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 79

```

aacctccctc gaggaattg atcttcagcc ctcccacctc acaatctaca cagcagcctt 60
gaaggaaaag acgccagact tcagacgtct ctctcctcgc gtctcggaga ccgcggactc120
ccgtaagggt gcccggtggc cccgatttgt aatgcgggac aaccccgggc gcgggggtga180
tcataggggt ctccaggcgc cgggggtgat gaaggagggt cggggatggg gggttttgta240
55 aagggggctg tagaaggcgg aaggaaggat gaaatttggg aggggggggg ggggggtcac 299

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 80:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 5 (A) LÄNGE: 2263 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 10 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

## (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- 15 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

- 20 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 80

25  
 attacgacaa ctcttctaca tgtaagaaag gaaaggtatt ccctgggaag atttcagtga 60  
 cagtatcaga aacatttgac ccagaagaga aacattccat ggcctatcaa gacttgcata 120  
 gtgaaattac tagcttggtt aaagatgtat ttggcacatc tgtttatgga cagactgtaa 180  
 ttcttactgt aagcacatct ctgtcaccaa gatctgaaat gcgtgctgat gacaagtttg 240  
 30 ttaatgtaac aatagtaaca attttggcag aaaccacaag tgacaatgag aagactgtga 300  
 ctgagaaaat taataaagca attagaagta gctcaagcaa ctttctaaac tatgatttga 360  
 cccttcggtg tgattattat ggctgtaacc agactgcgga tgactgcctc aatgggttag 420  
 catgcgattg caaatctgac ctgcaaaagg ctaaccaca gagcccttc tgcgttgctt 480  
 ccagtctcaa gtgtcctgat gcctgcaacg cacagcaca gcaatgctta ataaagaaga 540  
 35 gtggtggggc ccctgagtggt gcgtgcgtgc ccggtacca ggaagatgct aatgggaact 600  
 gccaaaagtg tgcatttggc tacagtggac tcgactgtaa ggacaaattt cagctgatcc 660  
 tcactattgt ggccaccatc gctggcattg tcattctcag catgataatt gcattgattg 720  
 tcacagcaag atcaataaac aaaacgaagc atattgaaga agagaacttg attgacgaag 780  
 actttcaaaa tctaaaactg cggctgacag gcttcaccaa tcttgagca gaagggagcg 840  
 40 tctttcctaa ggtcaggata acggcctcca gagacagcca gatgcaaaat cctattcaa 900  
 gacacagcag catgccccgc cctgactatt agaatacaa gaatgtgga cccgccatgg 960  
 cccccaacca atgtacaagc tattatttag agtggttaga aagactgatg gagaagttag 1020  
 caccagtaaa gatctggcct ccggggtttt tcttccatct gacatctgcc agcctctctg 1080  
 aatggaagtt gtgaatgttt gcaacgaatc cagctcactt gctaaataag aatctatgac 1140  
 45 attaaatgta gtatgctga ttagcgcttg tcagagaggt gggtttcttc aatcagtaca 1200  
 aagtactgag acaatggtta gggttggttt ctttaattctt ttcttggtag ggcaacaaga 1260  
 accatttcca atctagagga aagctcccc aacttgcttg ctctgggca aacattgctc 1320  
 ttgagttaag tgacctaat cccctgggag acatacgcat caactgtgga ggtccgaggg 1380  
 gatgagaagg gataccacc acctttcaag ggtcacaagc tcaactctctg acaagtcaag 1440  
 50 atagggacac tgcttctatc cctccaatgg agagattctg gcaacctttg aacagcccag 1500  
 agcttgcaac ctacgtcac ccaagaagac tggaaagaga catatctctc agctttttca 1560  
 ggaggcgtgc ctgggaatcc aggaactttt tgatgctaata tagaaggcct ggactaaaaa 1620  
 tgtccactat ggggtgcaact ctacagtttt tgaaatgcta ggaggcagaa ggggcagaga 1680  
 gtaaaaaaca tgacctggtg gaaggaaagg aggcacaagg aactgggtgg ggaggatcaa 1740  
 55 ttagagagga ggcacctggg atccaccttc ttcttaggt cccctcctcc atcagcaaaa 1800  
 gagcacttct ctaatcatgc cctcccgaag actggctggg agaaggttta aaaacaaaaa 1860  
 atccaggagt aagagcctta ggtcagtttg aaattggaga caaactgtct ggcaaaaggg 1920

gcgagagggga gcttggtgctc aggagtccag ccgtccagcc tcgggggtgta ggtttctgag1980  
 gtgtgccatt ggggcctcag ccttctctgg tgacagaggc tcagctgtgg ccaccaacac2040  
 acaaccacac acacacaacc acacacacaa atggggggcaa ccacatccag tacaagcttt2100  
 tacaatgtt attagtgtcc ttttttattt ctaatgcctt gtcctcttaa aagttatttt2160  
 5 atttgttatt attatttgtt cttgactgtt aattgtgaat ggtaatgcaa taaagtgcct2220  
 ttgttagatg gtgaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaa 2263

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 81:

### 10 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1284 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

20

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

25

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

### 30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 81

aaaaatgggc taaactagct ccagagaact tgtgaattct ttgctaaagc ctctggcaaa 60  
 aacggcattt gatgaagcaa ttgctgaatt ggatacgctg aatgaagagt cttataaaga 120  
 cagcactctg atcatgcagt tacttaggga caatctcact ctgtggacat cggaaaacca 180  
 35 gggagacgaa ggagacgctg gggagggaga gaactaatgt ttctcgtgct ttgtgatctg 240  
 ttcagtgtca ctctgtaccc tcaacatata tcccttgtgc gataaaaaaa aaaaaaaaaa 300  
 aaaaaagagt cgtacgtcga ctttcgattt ttcacagcct cagcctagga aaaatggttc 360  
 atgggataaa cagctgggat ttgtatctaa aactcagatt ggtcacataa atgccacggc 420  
 attccgaagt ttgtattttg attaacattg acaggattac tgtgtgttta attttttaa 480  
 40 aactgaacac tgtgattatg gggttttgta atttagcaga actcttactg gtagaaaaaa 540  
 tagacctgaa ttatgtgtaa ctttttgtaa ggtttaatct gatatacaaa taatcattga 600  
 aatacaattc cattgtaaag ttgtacagaa agttatagag attatattgt gatgctggaa 660  
 cttggagtga gacacacatc atttggcatt tgagttgaat ggtaattcac agtaatgctg 720  
 ccgttggtcg ggacttaaag acacttgacc tgtttgggct gttgccactt aaaagtcat 780  
 45 gaccacaaat gtccacagtg tcttcctctg aggaaactcg aatcctgaaa tggaaattct 840  
 ttgtggcaga taactggctt atgacacctt gaaaagttca agtgctcata taacacacca 900  
 cactgaaccc cctttcctac agcaatatgt tcactatgtt accaatttgc aactgtgtct 960  
 tcaatagtg aatctacttt cattgttaac actgagctaa agaaaaaaag ccgtgtgttt1020  
 tatgaatgac cttatctgtt tcctggataa tacctttaag aataatgtcc tgagtcaggc1080  
 50 gtgggtgtgc gtgcatctag tcccaactat ttggggaggct gaggcaggag gatcgcttgall140  
 gccacaggagt ttaaagctgc agtgccctgt ggttgacact gtgaataact gcactccagc1200  
 ctgggcaaca tagcgagacc tcatctccaa aaaagaaaaa aacacaaaag gatgtgtctg1260  
 taagaggctt ccctggggga ccag 1284

### 55 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 82:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1335 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 82

```

gggtgacata atgacagggt aaatatgtgt gattcattga ttaaataatta tttaaagaaa 60
tgtaaattca caataagggt tgaaaattat ttggtttcat ccattgtctc ttatttcagg 120
25 accaagcagc aaactgcagt agtttgtgaa ggattctaata atgggggttca ggaatagcct 180
ctcaacgcta ctaattcaga tctctcccag agaactactg gatttcctca taattgacaa 240
acatgagtga ccacctcttt gggtggctac tgtagaaaat ggctgttgc atgttttctg 300
gactttgcca gccaacagat ccctgccagg ttttggaat acttctatta cctcgtgct 360
acttttctgc agggataaaa cttttgaggt ggccagacc agaacatcca aggattcctg 420
30 ttacagtgtc acagtataca ctgctcattt atcctattct catgtgcttt cttctttagt 480
aagattatth taagaaaata agtgatattt aaagtccaaa gaggaatgat cacagttgta 540
taaggggtgt tttcccactt gaactctgat gtcagtcgac tgtgggtcag agctacaacc 600
atctgttttg tttgatgttt tgggtggtta cttacggagt ggggatagtg tgagacctaa 660
ttccctgtgc aaatgtctct tattccagaa atgtgcattt tgtcatctat aagcaagaaa 720
35 tatgggcata gcagctcttg gtttaaagtt tgccataacc tgttcattgt tgttttaagc 780
tcaggtaaaag ataacctcct ctttctatga ctccagtttc cattcagggt atagtattat 840
tcaatagttg attttctttt taagctgggc aataaattga tgtttccaga tggtaacatg 900
ggagagggca tataggataa agatgagcaa attctaccct aaaaatgttc tagtagttca 960
caggaagaag atgaggttta ataactttca aggtaattct agattgacat tttgagggga1020
40 aaatgggctc ttgttctagt tgaagtgagc agagaaggct ataaattaat atgtaactta1080
cagcattcca gaggttaaaa ataactgatg cagatgtact tcttcagtgt gattcttcag1140
atcaaacttt tacttttggc atagttaatt tcagaaaaat gtgctgtatg tgtgtgtgta1200
tgaggggttg tcttgctgat ccttcagtta gctctaaatt ctggcaactc cttgtaattc1260
ccatgtatth gataccatga accaatcatg ttgaatgcgt ttggtgatct ggggagcctc1320
45 ccccgctctc ccagg 1335

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 83:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1890 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einz I  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

10

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 83

```

15 ggcttgtggc ggctctgcca caggggcagg tgttgagggg ctcccggtcc ggctgccgcc 60
 gctccccgc tccggaccgc gggetcccc tagcgccgct gaggagccgc ctctgaggtc 120
 caggaggcgc caggagcggg actgagagcg cctggaggct cgagcagagg atagaaggac 180
 aaggacagaa tcaccagcac tggctgaagg taccttaaca tggggaatct tcttaaagtt 240
 ttgacatgca cagaccttga gcaggggcca aattttttcc ttgattttga aaatgccccag 300
20 cctacagagt ctgagaagga aattttataat cagggtgaatg tagtattaaa agatgcagaa 360
 ggcattcttg aggacttgca gtcatacaga ggagctggcc acgaaatacg agaggcaatc 420
 cagcatccag cagatgagaa gttgcaagag aaggcatggg gtgcagttgt tccactagta 480
 ggcaaatata agaaatttta cgaattttct cagagggttag aagcagcatt aagaggctct 540
 ctgggagcct taacaagtac cccatattct cccaccagc atctagagcg agagcaggct 600
25 cttgctaaac agtttgcaga aattcttcac ttcacactcc ggtttgatga actcaagatg 660
 acaaatcctg ccatacagaa tgatttcagc tattatagaa gaacattgag tcgtatgagg 720
 attaacaatg taccggcaga aggagaaaat gaagtaaata atgaattggc aaatcgaatg 780
 tctttgtttt atgctgaggc aactccaatg ctgaaaacct tgagtgatgc cacaacaaaa 840
 tttgtatcag agaataaaaa tttaccaata gaaaatacca cagattgttt aagcacaatg 900
30 gctagtgtat gcagagtcac gctggaaaca ccggaataca gaagcagatt tacaatgaa 960
 gagacagtgt cattctgctt gagggtaatg gtgggtgtca taatactcta tgaccacgta1020
 catccagtgg gagcatttgc taaaacttcc aaaattgata tgaaagggtg tatcaaagtt1080
 ctttaaggacc aacctcctaa tagtgtggaa ggtcttctaa atgctctcag gtacacaacal140
 aaacatttga atgatgagac tacctccaag caaattaaat ccatgctgca ataacaattcl200
35 tggaataaag acctgctgta gacagaagac agtattctgc aatgactgag aatgcagttt1260
 ttttagtgatt gcaattacta tctcatttat tcttgctttt atttctttcc tctgttctct1320
 ttccctcttt tttaatcatg ttcttaagac ttcttttctg tgccaaaatc agtaaaagttal380
 cactctgaag ggatatcatc ctttcaaacg ggccatctaa ggcagctaat tatgcattgcl440
 attggggctc ctactgagaa aaattctgtg acttgaacta aatattttta aatgtggatt1500
40 ttttttgaaa ctaattttta atattgcttc tcttgcattg caaaactgcc tattctgcta1560
 tttaaaaacc ctcaatgact ttatttttcta ctgccgcctt tttcatgtgc aacaaaaatg1620
 aaaatgttta aattaactgt gttgtacaaa tggtagccaa cacaaacttt ttttaaattal680
 gtaatacttt tgtttaaagt tttaagtttg cattttgact ttttttgtaa ggatgtatgt1740
 tgtgtgttta acctttatta actaacgtta aaagctgtga tgtgtgcgta gaatattacg1800
45 tatgcatgtt catgtctaaa gaatggctgt tgatgataaa ataaaaatca gctttcat1860
 ttctaataaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa
 1890

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 84:

50

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1829 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

55

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA



(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

10

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 84

```

15 gaccaacctg acgcagatcg agctgcgggg caaccggctg gaggcgctgc ctgtggagct 60
 gggcgagtgcc cactgctca agcgacggc ttggtggtgg aggaggacct gttcaacaca 120
 ctgccaccgg aggtgaagga gcggctgtgg agggctgaca aggagcaggc ctgagcgagg 180
 ccggcccagc acagcaagca gcaggaccgc tgcccagtcg tcaggcccgg aggggcaggc 240
 ctagcttctc ccagaactcc cggacagcca ggacagcctc gtggctgggc aggagcctgg 300
20 ggccgcttgt gaggcaggcc agagcgagag gacagtatct gtggggctgg ccccttttct 360
 ccctctgaga ctcacgtccc ccagggcaag tgcttgtgga ggagagcaag tctcaagagc 420
 gcagtatttg gataatcagg gtctcctccc tggaggccag ctctgcccga ggggctgagc 480
 tgccaccaga ggtcctggga ccctcacttt agttcttggg atttattttt ctccatctcc 540
 cacctccttc atccagataa cttatacatt cccaagaaag ttcagcccag atggaagggtg 600
25 ttcagggaaa ggtgggtgcg cttttccctt ggtccttatt tagcgatgcc gccgggcatt 660
 taacacccac ctggacttca gcagagtggg ccggggcgaa ccagccatgg gacggtcacc 720
 cagcagtgcc gggctgggct ctgcggtgcg gtccacggga gaggcagcct ccagctggaa 780
 aggccaggcc tggagcttgc ctcttcagta tttgtggcag ttttagtttt ttgttttttt 840
 ttttttaaat aaaaaacaat ttttttaaaa aaaaaagctt tgaaaatgga tgggttgggt 900
30 attaaaaaga aaaaaaaaaa ttaaaaaaaa aaagacacta acggccagtg agttggagtc 960
 tcagggcagg gtggcagttt cccttgagca aagcagccag acgttgaact gtgtttcctt1020
 tccttgggcg cagggtgcag ggtgtcttcc ggatctggtg tgaccttggg ccaggagttc1080
 tatttgttcc tgggagggga gttttttttg gtgtcttgtt ttcttttctc tccatgtgtc1140
 ttggcaggca ctcatctctg tggctgtcgg ccagagggaa tgttctggag ctgccaaggaa1200
35 gggaggagac tcgggttggc taatccccgg atgaacgggt ctccattcgc acctcccctc1260
 ctgctgcctg ccctgcctct ccacgcacag tgtaaggag ccaagaggag ccacttcgcc1320
 cagactttgt ttccccaccg cctgcggcat ggggtgtgtc agtgccaccg ctggcctccg1380
 ctgcttccat cagccttgtc gccacctggg ccttcatgaa gaggcagcac ttagaggctg1440
 gtcgggaatg gggaggtcgc ccctgggagg gcaggcgttg gttccaagcc ggttcccgtc1500
40 cctgggcgct ggagtgcaca cagcccagtc ggcacctggt ggctggaagc caccctgctt1560
 tagatcactc ggggtccccc cttagaaggg tccccgcctt agatcaatca cgtggacact1620
 aaggcacgtt ttagagtctc ttgtcttaat gattatgtcc atccgtctgt ccgtccattt1680
 gtgttttctg cgtcgtgtca ttggatataa tcttcagaaa taatgcacac tagcctctga1740
 caaccatgaa gcaaaaatcc gttacatgtg ggtctgaact tgtagactcg gtcacagtat1800
45 caaataaaat ctataacaga aaaaaaaaaa
 1829

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 85:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

50

(A) LÄNGE: 2358 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

55

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

5 (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

10 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 85

```

15 cgaaacgccg cggagtggagg cagttccgct ggctagtgtg tacgcggcga gcttctccc 60
 gcgccgcccg ctccgctccc atagcgcccc cgacagggtc cggacgcgc ccgaacatgg 120
 actccgcccg ccaagatata aacctgaatt ctctaataa aggtctgctg tctgactcca 180
 tgacggatgt tcctgtcgac acaggtgtgg ctgccgggac tcctgctggt gaggtctga 240
 cagaggctga ggaggaggag ctccagggtg agcttaccac ggtggaagag gaaattgtca 300
 ctctcgcca ggtcctggca gccaaaggaga ggcactgtgg agagctcaag aggaggctgg 360
20 gcctctccac cctgggggag ctgaaacaga acctgtccag gagctggcat gacgtgcagg 420
 tctctagcgc ctatgtgaaa acttctgaga aacttgaga gtggaatgag aaagtgaccc 480
 agtcagacct ctacaagaag actcaggaaa ctctttcaca ggcaggacag aagacttcag 540
 ctgccctgtc cacagtgggc tctgccatca gcaggagct tggagacatg aggaactctg 600
 cgaccttcaa gtcgtttgag gaccgagttg ggaccataaa gtctaagggt gtgggtgaca 660
25 gagagaacgg cagtgaacac ctcccttcc cagcggggag tggtgacaag cccctgtcgg 720
 atcccgacc tttctaagcc tgtggttgc tcaccgctg cagagcacac gcaaccagc 780
 ctacgcatca cagccgcagc tctgttcagc ggagcagcca gccagggcgg atgagcagag 840
 ccggccctga ggacagtcct gccatccac gcggagatgt ggctgcgcg tttgcatgaa 900
 tttgaagaac acaggcttgc acacagatgt tttaactca cgttttaga tgaacagat 960
30 cactgtgctg tccttccctag ggtgacaga agtgacagg gcggagggtt tgaagaata 1020
 ttgagccaaa gccaggctc cctttgggaa tcatgttagc ccatacagaat gttgaaggat 1080
 tgaagagttc taagcataaa ataagtggca ttttctgact tcttctcct cctccttccc 1140
 tgactcacag aaggaatgca atcaccagc aagtcctacc tgttacgcaa tttttatct 1200
 caaaatgccg aacgagaaaa ctgtccattt tctgagaccc ccagaaagga aactgaccct 1260
35 cagcagctgc ctgattgtta cgcgaatcta gctttaacgg aagcaaattc attatTTTTT 1320
 aaatgcagtg gacttttcaa aaagttaaaa ttaggcaaa cagcttttagc ctcatagaat 1380
 attatttctt tggactcaag ctgaaataca agccttacat tgccttatgc tttatttctt 1440
 tctaattttt atatgtatat agatgagggt tccttaatgg ttgtgagcat tgtgtggaat 1500
 tttacacctg gcctgcgtgg cagcctcttc cagttgaggt gttttatgtc acgcacactc 1560
40 catccagtg tacaaaacct gcttctcttc tcaaccgtg cagctcccgc tggctcctat 1620
 gccctgccct aaagggtct ttagcctctg ggaatgggag gggccaagag aaggaacc 1680
 ctgtctttag caccctttaa aagaactgtg ccccccctc cagtgtgcc tttgcatggg 1740
 cctggcccg ctcgcattcg tcagtgact caaccctcct gcttgcgtga cttgggatga 1800
 aacgacccca caggtcaggt ggagggtgg gcgtgggcct cagccaggat tggcgttaca 1860
45 gtctttttct caggagctac aaagatctct tcctgttact aaatggctgc accccagcag 1920
 cctctctcgc acaccggggc cctgcatgtc agatggcgtg gtctgcaggg ggagctctgt 1980
 gccttagtg ctcttgagc gacactgagg gcctgcctgt ggtgtgcccg gctctgccac 2040
 tccccggagg ggaagggtg ctccagctca ggtgtcctgt tcggtagagc aagtgtcctc 2100
 tgacagccgt gtccccggac agttcagaca cccttgggga tggcactcca cacacgacag 2160
50 agatgcaggg gccagggaag cccagcgctc ggtgcccttc gtccagggtt aaaaatcgcc 2220
 tgtggggtgt ggtgagaagg caggttgtgc ggggtgtgac cgatgtatct tttccttaaa 2280
 gttattataa taatgggtaa tttgtcaata aagcattcct ttgggggaaa aaaaaaaaaa 2340
 aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa

```

55 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 86:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
 (A) LÄNGE: 1646 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 86

```

20 cagctgcgga actgcgcgat tgtggttccc gccgtatttc ccgttcccca tctagtaact 60
 cccatctcag cccacgtatc tccctgagtg gaaatctcgg gcccagacc agtcgattgg 120
 gaggtccgcc ctccccctca gcgacttggt ctgtgttttg gcagttgccg cgacaacagt 180
 cacttccggg aagggggtct gcgaatctcc ttccgtcggg ccgctcagaa tcagctgtcc 240
 tctcagactg tgtgggtggt ttccccggcc gcagctccgt acgggcttgg attgctgggc 300
25 ctcggtgcaac cccagcctcc cccactcggg ttctgagctt gagctggcgg ctctttaact 360
 ctgcttcaact gttgctcttg gcaacatcca cttccgggag cgagtgccgt ttcccccgct 420
 caccgcgggc tagggagcgt gggattccgg actgtgagcg gctgttagtg cgctgcagct 480
 gctggcgatc cggcgaccct cggccggcag gaccgcggg ccacgcagcc ggggccttct 540
 caacgcctca gtacctcggc gggaccgcca tggttctgct gcacgtgaag cggggcgacg 600
30 agagccagtt cctgctgcag gcgcctggga gtaccgagct ggaggagctc acggtgcagg 660
 tggcccggtg ctataatggg cggctcaagg tgcagcgctt ctgctcagaa atggaagaat 720
 tagccggaaca tggcatattt ctccctccta atatgcaagg actgaccgat gatcagattg 780
 aagaattgaa attgaaggat gaatggggtg aaaaatgcgt acccagcgga ggtgcagttg 840
 ttaaaaagga tgatattgga cgaaggaaat ggcaagctcc aaatgagaag atgaagcaag 900
35 tgttaaagaa gactatagaa gaagccaaag caataatata taagaaacaa gtggaagccg 960
 gtgtctgtgt taccatggag atgggtgaaag atgccttgga ccagcttcga ggcgcggtga1020
 tgattgttta ccccatgggg ttgccaccgt atgatcccat ccgcatggag tttgaaaata1080
 aggaagactt gtcgggaaca caggcagggc tcaacgtcat taaagaggca gaggcgcact1140
 gtggtgggca gccaaaggagc tgagaagactt caagaagctt tcagactacg tggggaagaa1200
40 tgaaaaaacc aaaattatcg ccaagattca gcaaagggga caggagagctc cagcccagaa1260
 gcctattatt agcagtgagg agcagaagca gctgatgctg tactatcaca gaagacaaga1320
 ggagctcaag agattggaag aaaatgatga tgatgcctat ttaaactcac catgggcgga1380
 taacactgct ttgaaaagac attttcatgg agtgaaagac ataaagtgga gaccaagatg1440
 aagttcacca gctgatgaca cttccaaaga gattagctca cctttctcct aggcaattat1500
45 aatttaaaaa aaaaaaaaag gccacttact gccctctgta aaagatgtta acatttctag1560
 ttttctttta gtgtgaattt ttaaaatagc agttattcaa ggttttagaa ctttaataaat1620
 acctagtcag aagaaaaaaa aaaaaa
 1646

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 87:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 3096 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

5

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 87

gcgggtgacg cgacgacggc tcgacacttt gctacggagt gcatcggacg togaagccta 60  
gagtctctgc gtctttccct cttccgctgc ctcattcctt tccttcctag ccttggctcg 120  
cgccgccacc atgaacaaga agaagaacc gttcctaggg atgcccgcgc ccctcggcta 180  
20 cgtgccgggg ctgggcccgg gcgccactgg cttcaccacg cggtcagaca ttgggcccgc 240  
ccgtgatgca aatgaccctg tggatgatcg ccatgcaccc ccaggcaaga gaaccgttg 300  
ggaccagatg aagaaaaatc aggtctgctga cgatgacgac gaggatctaa atgacaccaa 360  
ttacgatgag tttaatggct atgctgggag cctcttctca agtggaccct acgagaaaga 420  
tgatgaggaa gcagatgcta tctatgcagc cctggataaa aggatggatg aaagaagaaa 480  
25 agaaagacgg gagcaaaggg agaaagaaga aatagagaaa tatcgtatgg aacgccccaa 540  
aatccaacag cagtctcag acctcaagag gaagttggca gaagtcacag aagaagagt 600  
gctgagcatc cccgaggttg gcgatgccag aaataaacgt cagcggaaac cagcgtatga 660  
gaagctgacc ctacttctct acagtctctt tgccaaacat ttacagaccg gagagaacca 720  
tacctcagtg gatccccgac aaactcaatt tggaggtctt aacacaccct atccaggtg 780  
30 actaaacact ccatacccag gtggaatgac gccaggactg atgacacctg gcacagtga 840  
ctggacatga ggaagattgg ccaagcgagg aacactctga tggacatgag gctgagccag 900  
gtgtctgact ccgtgagtgg acagaccgtc gttgacccca aaggctacct gacggattta 960  
aattccatga tcccgcacaca cggaggagac atcaatgata tcaagaaggc gcgactgtc 1020  
ctcaagatcg ttccggagag gaaccctcat caccgccag cctggattgc atcagccgc 1080  
35 ctggaagaag tcactgggaa gctacaagta gctcggaaac ttatcatgaa ggggacggag 1140  
atgtgcccc aagtgagaag tgtctggctg gaagcagcca ggttgacgac tggggacaca 1200  
gccaaggccg tggtagccca agctgtccgt catctcccac agtctgtcag gatttacatc 1260  
agagccgcag agctggaaac ggacattcgt gcaagaagc gggttcttcg gaaagccctc 1320  
gagcatgttc caaactcggg tcgcttggtg aaagcagccg ttgagctgga agaacctgaa 1380  
40 gatgctagaa tcatgctgag ccgagctgtg gagtgtgcc ccaccagcgt ggagctctgg 1440  
cttgctcttg caaggctgga gacatatgaa aatgcccgca aggtcttgaa caaggcgcgg 1500  
gagaacattc ctacagaccg acatatctgg atcacggctg ctaagctgga ggaagccaat 1560  
gggaacacgc agatgggtgga gaagatcatc gaccgagcca tcacctcgtc gcgggccaac 1620  
ggtgtggaga tcaaccgtga gcagtggatc caggatgccg aggaatgtga cagggtctgg 1680  
45 agtgtggcca cctgccaggc cgtcatgcgt gccgtgattg ggattgggat tgaggaggaa 1740  
gatcgggaag atacctggat ggaggatgct gacagtgtg tagccacaa tgccctggag 1800  
tgtgcacgag ccactacgc ctacgccctg caggtgttcc ccagcaagaa gagtgtgtgg 1860  
ctgcgcgccg cgtacttcca gaagaacatc ggcactcggg agtccctgga agcactcctg 1920  
cagagggctg tggcccactg ccccaaagca gagggtctgt ggctcatggg cgccaagtc 1980  
50 aagtggtctg caggggatgt gcctgcagca aggagcatcc tggccctggc cttccaggcc 2040  
aaccccaaca gtgaggagat ctggctggca gccgtgaagc tggagtccga gaatgatgag 2100  
tacgagcggg cccggaggct gctggccaag gcgcggacag tgccccacc gcccggtgt 2160  
tcatgaagtc tgtgaagctg gagtgggtgc aagacaacat cagggcagcc caagatctgt 2220  
gcgaggaggc cctgcggcac tatgaggact tccccaagct gtggatgatg aaggggcaga 2280  
55 tcgaggagca gaaggagatg atggagaagg cgcgggaagc ctataaccag gggttgaaga 2340  
agtgtcccca ctccacacc ctgtggcttt tgctctctcg gctggaggag aagattgggc 2400  
agcttactcg agcacgggc attttggaag agtctcgtct gaagaacca aagaacctg 2460  
ggctgtgggt ggagtcctg cggctggagt accgtgcggg gctgaagaac atcgcaata 2520  
cactcatggc caaggcgctg caggagtgcc ccaactccgg tatcctgtgg tctgaggcca 2580

```

tcttcctcga ggcaaggccc cagaggagga ccaagagcgt ggatgccctg aagaagtgtg2640
agcatgaccc ccatgtgctc ctggccgtgg ccaagctgtt ttggagtcag cggaagatca2700
ccaaggccag ggagtgttcc caccgcactg tgaagattga ctccgacctg ggggatgcct2760
gggccttctt ctacaagttt gagctgcagc atggcactga ggagcagcag gaggaggtga2820
5 ggaagcgctg tgagagtgcg gagcctcggc atggggagct gtggtgcgcc gtgtccaagg2880
acatcgccaa ctggcagaag aagatcgggg acatccttag gctggtggcc ggccgcatca2940
agaacacctt ctgattgagc ggttgccatg gccggtctcc gtggggcagg gttggggccg3000
atgtggaagg gctctgagct gtgtcctcct tcattaaaag tttttatgtc tcgtgtcaga3060
aaaaaaaaa aaagaaaaaa gggggcgccc gggggc 3096

```

10

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 88:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1906 Basenpaare

15

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

20

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

25

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

30

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 88

```

35 ggcgtcgtcg aggcaagagg agggcactcg gccgcggcct gacagggact tagccacag 60
agaccggccc ggcgcgcgca cccacacccc acccactcgt ccacctaccc actccccgcg 120
ccgcctcttc ccacctgag cagagccacc gaggatgata aacaccagg acagtagtat 180
tttgccgttg agtaagtgtc ccagctcca gtgctgcagg cacattgttc cagggcctct 240
gtggtgtctc tgatgccctt caccactgt cgaagatccc cgggtggcga gggggcgga 300
40 gggatccctt tctctcagct ctaatatata aggacgagaa gctcactgtg acccaggacc 360
tccctgtgaa tgatggaaaa cctcacatcg tccacttcca gtatgaggtc accgagggtga 420
agggtctctt ttgggatgca gtccctgtcca gccagagcct gttttagtaa atcccagatg 480
gattattagc tgatgggagc aaagaaggat tgtagcact gctagagttt gctgaagaga 540
agatgaaagt gaactatgtc ttcattctgt tcaggaaggg ccgagaagac agagctccac 600
45 tcctgaagac cttcagcttc ttgggctttg agattgtaag tccaggccat cctgtgtcc 660
cctctcggcc agatgtgatg ttcattggtt atcccctgga ccagaacttg tccgatgagg 720
actaatagtc atagaggatg ctttacccaa gaccacagt gggggaagag gggaagttag 780
gcagccctgg gacagacgag agggctcttc gctgtctagg gaaggacact gaggggctca 840
gggtgagggt tgctatttgt gttctcggag ttgactcgtt gaaattgttt tccataaaga 900
50 acagtataaa catattatc acatgtaatc accaatagta aatgaagatg tttatgaact 960
ggcattagaa gctttctaaa ctgcgctgtg tgatgtgttc tatctagcct aggggaggac1020
attgcctaga gggggaggga ctgtctgggt tcaggggcat ggcctggagg gctggtgggc1080
agcactgtca ggctcagggt tccctgctgt tggctttctg ttttggttat taagacttgt1140
gtattttctt tctttgcttc ctgtcacccc aggggctcct gagtataggc ttttcagtc1200
55 ctgggcagtg tccctgagtt gttttttgac actcttacct gggcttctct gtgtgcattt1260
gcgtctggcc tgggtaagc aggtccgacc cctcctctt tacagcttag tgttattctg1320
gcatttggtt aagctggctt aatctgttta atgttatcag tacattttaa ataggggcat1380

```

```

tgaaatttac tcccaccacc agggcctttt tgggggatgc ctgggccttt aaaacactag1440
ccaaactcta attaattctc aaatcactgc caggagtctt tgctcctggc tgcaggccca1500
ggccccaagg tctccttctt ggggtcacaa acagcagtaa ggaagaggaa tatatagcaal560
ctcagggcct gggaattgtg gggcaatccg ttcttaggga ctggatactt ctggctggct1620
5 gagtatagta ctagctgcct ccccaccagg ttccgagtag tgtctgagac tctgctctgc1680
agggcctagg gtagcgctgg gagtgtagaa gtggcctgcc cttaactgtt ttcactaaac1740
agctttttct aaggggagag caagggggag agatctagat tgggtgaggg ggacggggat1800
gtcagggagg caagtgtgtt gtgttactgt gtcaataaac tgatttaaag ttgtaaaaaa1860
aaaagaaagg gggggggtgg aggggagggga gggggaaaag aaaaaa 1906

```

10

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 90:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

15

- (A) LÄNGE: 349 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

## (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

20

## (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

## (iii) ANTI-SENSE: NEIN

25

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

30

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 90

```

35 gctaagagga caagatgagg cccggcctct catttctcct agcccttctg ttcttccttg 60
gccaagctgc aggggatttg ggggatgtgg gacctccaat tcccagcccc ggcttcagct120
ctttcccagg tgttgactcc agctccagct tcagctccag ctccaggctg ggctccagct180
ccagccgcag cttaggcagc ggaggttctg tgtcccagtt gttttccaat ttcaccggct240
ccgtggatga ccgtgggacc tgccagtgtc ctgtttccct gccagacaac aactttcccg300
40 tggacagagt ggaacgttg aattcacagc tcatagttat ttctcagag 349

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 91:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

45

- (A) LÄNGE: 2142 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

50

## (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

## (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 91

```

cagacccaga aagtagtgac cagccctcct cggattaccc ttcattggct cctcccttgc 60
gccgcccacc ctccagattt gcataaaaaa ggccaagaaa actctggctg tgccccagca 120
acggctcatt ctgctcccc gggtcggagc cccccggagc tgcgcgcggg cttgcagcgc 180
15 ctcgcccgcg ctgtcctccc ggtgtcccg tttctccgcg cccagccgcc ggctgccagc 240
ttttcggggc cccgagtcgc acccagcgaa gagagcgggc ccgggacaag ctcgaactcc 300
ggcgcctcgc ccttccccg gctccgctcc ctctgcccc tcggggtcgc gcgcccacga 360
tgctgcaggg ccctggctcg ctgtgctgc tcttctcgc ctcgactgc tgctgggct 420
cggcgcgcgg gctcttctc tttggccagc ccgacttctc ctacaaagcg agaattgcaa 480
20 gcccatcccg gccaacctgc agctgtgcca cggcatcgaa taccagaaca tgcggctgcc 540
caacctgctg ggccacgaga ccatgaagga ggtgctggag caggccggcg cttggatccc 600
gctggtcatg aagcagtgcc acccggacac caagaagttc ctgtgctcgc tcttcgcccc 660
cgtctgcctc gatgacctag acgagacat ccagccatgc cactcgtct gcgtgcagg 720
gaaggaccgc tgcgccccg tcatgtccgc cttcggcttc ccctggcccg acatgcttga 780
25 gtgcgaccgt tccccccag acaacgacct ttgcatcccc ctgcctagca gcgaccacct 840
cctgccagcc accgaggaag ctccaaaggt atgtgaagcc tgcaaaaaata aaaatgatga 900
tgacaacgac ataatggaaa cgctttgtaa aaatgatatt gcactgaaaa taaaagttaa 960
ggagataacc tacatcaacc gagataccaa aatcatcctg gagaccaaga gcaagaccat1020
ttacaagctg aacggtgtgt ccgaaaagga cctgaagaaa tcggtgctgt ggctcaaaga1080
30 cagcttgtag tgcaacctgt aggatagtaa cgacatcaac gcgcctatc tggctatggg1140
acagaaacag ggtggggagc tggatgacac ctcggtgaag cgggtggcaga aggggcagag1200
agagttcaag cgcattctcc gcagcatccg caagctgcag tgctagtccc ggcattcctga1260
tggctccgac aggcctgctc cagagcacgg ctgaccattt ctgctccggg atctcagctc1320
ccgttccccca agcacactcc tagctgctcc agtctcagcc tgggcagctt cccctgcct1380
35 tttgcacgtt tgcattcccc gcatttctct agttataagg ccacaggagt ggatagctgt1440
tttcaccta aaggaaaagc caccggaatc ttgtagaaat attcaaaacta ataaaatcat1500
gaatattttt atgaagttaa aaaatagctc actttaaaagc tagttttgaa taggtgcaac1560
tgtgacttgg gtctggttgg ttgtgtttg ttgttttgag tcagctgatt ttcacttccc1620
actgaggttg tcataacatg caaattgctt caattttctc tgtggcccaa acttggtggg1680
40 cacaaccctt gttgagataa agctggctgt tatctcaaca tcttcacag ctccagactg1740
agactcagtg tctaagtctt acaacaattc atcattttat accttcaatg ggaacttaaa1800
ctgttacatg tatcacattc cagtacaat acttccattt attagaagca cattaaccat1860
ttctatagca tgatttcttc aagtaaaagg caaaagatat aaattttata attgacttga1920
gtactttaag ccttggttaa aacatttctt acttaacttt tgcaaatata acccattgta1980
45 gcttacctgt aatatacata gtagtttacc tttaaaagtt gtaaaaatat tgctttaacc2040
aacactgtaa atatttcaga taacattat attctgtat ataaacttta catcctgttt2100
tacctataaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaagg aa 2142

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 92:

50

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1111 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

55

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

10

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 92

```

15 cgtgggcgaa catgggagct gttcctcgcg ggccgccggg tgctggtcac cggggcaggc 60
 aaaggtatag ggcgcggcac ggtccaggcg ctgcacgcga cgggcgcgcg ggtggtggct 120
 gtgagccgga ctccaggcga tcttgacagc cttgtccgcg agtgcccggg gatagaaccc 180
 gtgtgctgtg acctgggtga ctgggaggcc accgagcggg cgctgggcag cgtgggcccc 240
 gtggacctgc gcgggagact gcgccgacat gagctgttcc tcgcgggccg ccgggtgctg 300
20 gtcaccgggg caggcaaagg tataggcgcg ggcacgggtc aggcgctgca cgcgacgggc 360
 gcgcgggttg tggctgtgag ccggactcag gcgatcttg acagccttgt ccgcgagtgc 420
 ccggggatag aaccctgtgt cgtggacctg ggtgactggg aggccaccga gcgggcgctg 480
 ggcagcgttg gccccgtgga cctgctggtg aacaacgcgc ctgtcgccct gctgcagccc 540
 ttcctggagg tcaccaagga ggcttttgac agatcctttg aggtgaacct gcgtgcggtc 600
25 atccagggtg cgcagattgt ggccaggggc ttaatagccc ggggagtccc agggggccatc 660
 gtgaatgtct ccagccagtg ctcccagcgg gcagtaacta accatagcgt ctactgctcc 720
 accaagggtg ccctggacat gctgaccaag gtgatggccc tagagctcgg gccccacaag 780
 atccgagtga atgcagtaaa cccacagtg gtgatgacgt ccatgggcca ggccacctgg 840
 agtgaccccc acaaggccaa gactatgctg aaccgaatcc cacttgccaa gtttgctgag 900
30 gtagagcacg tgggtgaacgc catcctcttt ctgctgagtg accgaagtgg catgaccacg 960
 ggttccactt tgccgggtgga agggggcttc tgggcctgct gagctccctc cacacacctc 1020
 aagcccatg ccgtgctcat cctaccccca atccctccaa taaacctgat tctgctgccc 1080
 aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa g 1111

```

35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 93:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 657 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

40

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

45

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

50

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

55

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library



## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 93

```

5 atttaaagcc tggattgtaa ccagattttc ttttttcccc cttctcagct gtagatatga 60
 tatctccttt cagggcccca gcttaagggc aaagtgagtt aatgtgtaga caaaggcgag120
 ggacaagaga gagttaacat ctagacagtg gaaaaagcca tgggtgtgtg tttctgggaal80
 ccaccaaacac ttgcagggtt agctttttcc cagggttgac tacaagaaag aaaaccatgt240
 ttttgcaaga ttaaaatgtg gttgagtggt cctaaattaa ccatcccat ttttatcata300
 tttccaccat cacttcaggg ttttaagagt cagtgtcac ctgggcggac tggtagtaca360
10 ttttgcttct tagaaagcta agtcctgggt tccgtctgat tttaggttcc aggaacttcc420
 tgagaacacc cgatcgca gaagtaattt ctggagtgtg ttttgagggt atagctggga480
 gtatggccac cctgtccac gatgcggtaa tgaatccagc agaagtgggt aagcagcgct540
 tgcagatgta caactcgag caccggtcag caatcagctg catccggacg gtgtggagga600
 ccgagggtt gggggccttc taccggagct acaccacgc gagccctatc tcgtgcc 657

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 94:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

```

20 (A) LÄNGE: 863 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

```

```

25 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

```

```

 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

```

```

30 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

```

## (vi) HERKUNFT:

```

 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

```

```

35 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

```

```

 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

```

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 94

```

40 gcggtcggta gtgcggcgct gtttaaagat ggcgccggag gaacctcagc agcagaagca 60
 ggagccgctg ggcagcgact ccgaagggtg taactgtctg gcctatgatg aagccatcat120
 ggctcagcag gaccgaattc agcaagagat tgctgtgcag aacctcttgg tgtcagagcg180
 gctggagctc tcggtcctat acaaggagta tgctgaagat gacaacatct atcaacagaa240
 gatcaaggac ctccacaaaa agtactcgta catccgcaag accaggcctg acggcaactg300
45 tttctatcgg gctttcggat tctcccactt ggaggcactg ctggatgaca gcaaggagtt360
 gcagcgggtt aaggctgtgt ctgccaagag caaggaagac ctgggtgtccc agggcttcac420
 tgaattcaca attgaggatt tccacaacac gttcatggac ctgattgagc aggtggagaa480
 gcagacctct gtgcgcgacc tgctggcctc cttcaatgac cagagcacct ccgactacct540
 tgtggtctac ctgcggctgc tcacctcggg ctacctgcag cgcgagagca agttcttcga600
50 gcacttcacg gaggggtggac ggactgtcaa ggagttctgc cagcaggagg tggagcccat660
 gtgcaaggag agcgaccaca tccacatcat tgctgtggcc caggccctca gcgtgtccat720
 ccagggtggag tacatggacc gcggcgaggg cggcaccacc aatccgcaca tcttccctga780
 gggcttccga gcccagggtc ttacctgtt ttaaccggct tggggcaatt taggtattgc840
 tttttacaaa taggggtttg gtt 863

```

55

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 95:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 5 (A) LÄNGE: 1015 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

## (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

10

## (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

## (iii) ANTI-SENSE: NEIN

15

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

20

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 95

25 aattcggaac gagggcgccct gcaagccatg atgacccacc tgcattgtgaa gtctacagaa 60  
 cccaaagctg cccctcagcc cctgaatctg gtatcaagtg tcaccctctc caagtccgca 120  
 tcggaggctt ctccacagag cttacctcat actccaacga cccaaccgc cccctgact 180  
 cccgtcacc caggccctc tgtcatcaca accaccagca tgcacacggt gggacccatc 240  
 cgcaggcggt actcagacaa atacaacgtg cccatttcgt cagcagatat tgcgcagaa 300  
 caagaatttt ataagaacgc agaagttaga ccaccattta catatgcac ttttaattagg 360  
 30 caggccattc tcgaatctcc agaaaagcag ctaacactaa atgagatcta taactgggtc 420  
 acacgaatgt ttgcttactt ccgacgcaac gcggccacgt ggaagaatgc agtgcgatc 480  
 aatcttagtc ttcacaagtg ttttgtgcga gtagaaaacg ttaaaggggc agtatggaca 540  
 gtggatgaag tagaattcca aaaacgaagg ccacaaaaga tcagtggtaa cccttcctt 600  
 attaaaaaca tgcagagcag ccacgcctac tgcacacctc tcaatgcagc tttacaggct 660  
 35 tcaatggctg agaatagtat acctctatac actaccgctt ccatgggaaa tccactctg 720  
 ggcaacttag ccagcgcaat acgggaagag ctgaacgggg caatggagca taccaacagc 780  
 aacgagatg acagcagtc aggcagatct cctatgcaag ccgtgcatcc tgtacacgct 840  
 aaagaagagc ccctcgatcc agaggaaagt gaaggggccc tgccttagt gacaacagcc 900  
 aaccacagtc cagattttga ccatgacaga gattacgaag atgaaccagt aaacgaggac 960  
 40 atggagtgc tatcggggcg ggccaacccc gagaatgaag attggaaaa aaaaa 1015

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 96:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 45 (A) LÄNGE: 2532 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

50

## (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

## (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

5

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 96

gctcgatgtg caagtgaagg atgattccag ggccctgact ttaggagcac tgacgctgcc 60  
 tctggcccg cctgctgactg ccccgaaact catcctggac cagtgggtcc agctcagcag 120  
 cctctgggtcca aactccagac tctatatgaa actagtcattg aggatcctgt acttggattc 180  
 15 atcagaaata tgcttcccca cgggtgcctgg ttgtcctggt gcttgggacg tggacagtga 240  
 gaatccccag agaggcagca gtgtggatgc cccacctcga ccctgtcaca cgactcctga 300  
 tagccagttt gggactgagc atgtgcttcg gatccatgta ttagaggccc aggacctgat 360  
 tgccaaagac cgtttccttg ggggactggt gaagggcaag tcagaccctt atgtcaaaact 420  
 aaagtgtggca ggacgaagct tccggagcca tgttgttcgg gaagatctca atccccgctg 480  
 20 gaatgaggtt tttaggtga tcgtcacatc agttccaggc caagagctag aggttgaagt 540  
 ctttgacaag gacttgagca aggatgattt tctgggcagg tgtaaagtgc gtctcaccac 600  
 agtcttaaac agtggcttc ttgatgagt gctgaccctg gaggatgtcc catctggccg 660  
 cctgcacttg cgctggagc gtctcaccac ccgtccact gctgctgagt tagaggaggt 720  
 gctgcagggt aatagtttga tccagactca gaagagtgcg gagctggctg cggccctgct 780  
 25 atccatctat atggagcggg cagaggacct cccgctgcga aaaggcacca agcacctcag 840  
 cccttatgct actctcactg tgggagatag ttctcataaa accaagacta tttcgcaaac 900  
 ttcagccctt gctgggatg agagtgcctc ctttctcatc aggaaccac acactgagag 960  
 cctagagttg cagcttcggg gtgagggcac tggcgtgctg ggctcattat cctgccct1020  
 ctcagagctc ctcgtggctg accagctctg cttggaccgc tgggtttacac tcagcagtg1080  
 30 tcaggggcag gtgctactga gagcacagct agggatcctg gtgtcccagc actcgggagt1140  
 ggaagctcat agccacagct acagccacag ctctcatcgt ctgagtgaag aaccagagct1200  
 ctccggggga cccctcaca tcacctctc agccccagag ctccggcagc gcctaacaca1260  
 tgttgacagt ccccttgagg ctccagccgg gcctctgggc caggtgaaac tgactctgtg1320  
 gtactacagt gaagaacgaa agctgttcag cattgttcat ggttgccggt cccttcgaca1380  
 35 gaattggacgt gatcctcctg atccctatgt gtcactgttg ctactgccag acaagaaccg1440  
 aggcaccaag agggagacct cacagaagaa gaggaccctg agtcctgaat ttaatgaacg1500  
 gtttgagtgg gaactcccc tggatgagc ccagagacga aagctggatg tctctgtcaa1560  
 gtctaattcc tcttcatgt caagagagcg tgactgctgg ggaagggtga gctggacct1620  
 gctgagacag acctttccca ggggtgtagc cgggtggtatg acctgatgga caacaaggac1680  
 40 aagggcagct cctaggagct ggagagctcc agcctgactg ctctgtcttc ctgccttcgt1740  
 ctgcctccat caccgcctca atgtgatgag cctaaagcta gggccaagg gcagagcctg1800  
 tgcccttcag ccccttcacc taacaggcc atattcgggc ctttgccctga ccaaagagaal860  
 gaaccgtatg ttccctttac tgacggcct ttatccttct gggccctgg ggccggggacc1920  
 tgagctggct gtttctctgt ttgcctgcac attgttctcc ctctctccca actcctcagg1980  
 45 gccttctgta tctgtgctg gccagtggca gcactagcag tggatttagc ttatgccaaa2040  
 tacagctttg gaaggatctt ttttcttcta actagatggt cactctcttc cctaccacac2100  
 atgggtggga aggtggacag gctaacctct ccagctgtga gcctcttaga ctactgcatg2160  
 tagcaaatg ttagcagctc agggccctat gtccagttct gtccctactg tctcaaccc2220  
 tgccttgaaa attctactgc tttgatggct ggggcccagtc tcttgctact ttggaaactg2280  
 50 aggagcgctg gatttactc aagcctccaa gtatggcat atcagtcttg gactcctag2340  
 ctgggtgatac ggagagggtc ttggaggact tgggacagca gggccaattt ttttgcccaa2400  
 gtgcctaggc tgctaactca ctgactagaa cttaactctg tactttacag ttttgacca2460  
 actctgccaa gccactggat cttacattaa acatcatact caaaaaaaaa aaaaaataaaa2520  
 ataaaaaaaa aa 2532

55

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 98:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 776 Basenpaare

- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

10 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:
  - (A) ORGANISMUS: MENSCH
  - (C) ORGAN:

15

- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
  - (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 98

20

```

tttttttttt tttttttttt tttttttttt ttttgagaca aagtctcact gtgtcaccca 60
gactggaatg cagtgcacaca atctcggctc actgaaacct ctgccttcca gggtcaagct120
attctcatgc ctcagcctct caagtagctg ggactacaga tgtgggccac catgtctggc180
taattttttt ttttttttgt agagacaggg ttctgcctatg ttgacgagac tggctctgaa240
25 ctccctggcct caagtgatct gccgcctcag cttctcaaag tactgggatt atataggcat300
gagccactga gcctggcctt gaagcgtttt tctcaaaggc cctcagttag ataaattaga360
tttggcatct cctgtcctgg gccagggatc tctctacaag agccctgcc cctctgttgg420
aggcacagt ttagaataag gaggaggagg gagaagagaa aatgtaaagg agggagatct480
ttcccaggcc gcaccatttc tgtcactcac atggacccaa gataaaagaa tggccaaacc540
30 ctcacaaccc ctgatgtttg aagagttcca agttgaaggg aaacaaagaa gtgtttgatg600
gtgccagaga ggggctgctc tccagaaagc taaaatttaa tttctttttt cctctgagtt660
ctgtacttca accagcctac aagctggcac ttgctaaca atcagaaata tgacaattaa720
tgattaaaga ctgtgattgc caccaaaaaa aaaaaaaca gccaggaaaa aaaggg 776

```

35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 99:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
  - (A) LÄNGE: 629 Basenpaare
  - (B) TYP: Nukleinsäure
  - 40 (C) STRANG: einzel
  - (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

45

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

- 50 (vi) HERKUNFT:
  - (A) ORGANISMUS: MENSCH
  - (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

## (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 99

```

5 cggtcgcact tccgttactt gctgcggagg accgtgggca gccagggtcg gtgaaggatc 60
 ccaaaatggc tgggcgaaaa cttgctctaa aaaccattga ctgggtagct tttgcagaga120
 tcatacccca gaaccaaaag gccattgcta gttccctgaa atcctggaat gagaccctca180
 cctccagggt ggctgcttta cctgagaatc caccagctat cgactgggct tactacaagg240
 ccaatgtggc caaggctggc ttggtggatg actttgagaa gaagtttaat gcgctgaagg300
10 ttcccgtgcc agaggataaa tatactgccc aggtggatgc cgaagaaaaa gaagatgtga360
 aatcttgtgc tgagtgggtg tctctctcaa aggccaggat ttagaataat gagaaagaga420
 tggagaagat gaagaactta attccatttg atcagatgac cattgaggac ttgaatgaag480
 ctttcccgaga aaccaaatta gacaagaaaa agtatcccta ttggcctcac caaccaattg540
 agaatttata aaattgagtc caggaggaag ctctggccct tgtattacac attctggaca600
15 ttaaaaataa taattatata aaaaaaaaaa 629

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 100:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 20 (A) LÄNGE: 757 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 25 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

## (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- 30 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

- 35 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 100

```

40 ggcggggagc agggggacac cagggtgaat caggaagacc cgaggggtgg cccccaccct 60
 ttctccaccc acgcggcagg ttccagggtgc cctggctgga gtcagtccct atcgtagtca120
 gcaacaacat tgacgaggag gcgctggccc gactggccca ggagggcagt gaggtgaatg180
 tcattggcat tggcaccagt gtggtcacct gcccccaaca gccttccctg ggtggcgtct240
45 ataagctggg ggccgtgggg ggccagccac gaatgaagct gaccgaggac cccgagaagc300
 agacgttgcc tgggagcaag gctgctttcc ggctcctggg ctctgacggg tctccactca360
 tggacatgct gcagttagca gaagagccag tgccacaggc tgggcaggag ctgagggtgt420
 ggcctccagg ggcccaggag ccctgcaccg tgaggccagc ccaggtggag ccactactgc480
 ggctctgcct ccagcaggga cagctgtgtg agccgtccc atccctggca gagtctagag540
50 ccttggccca gctgtccctg agccgactca gcctgagca caggcgctg cggagccctg600
 cacagtacca ggtggtgctg tccgagaggc tgaggccct ggtgaacagt ctgtgtgcgg660
 ggcagtcccc ctgagactcg gacggggct gactggaaac aacacgaatc actcactttt720
 cccacagga agaggagggtg agggaagagg gggggcg 757

```

- 55 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 101:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1262 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 101

```

aatttggtga agagtgattc tccctcatcc tctgcaaaaca ttccataggc gataggaaga 60
actatgcctc tgccaagctt tctgagttgc tgccagaaga agttgaagca gaagtgaag 120
cagctgcaga gatatacaatg ggaacagagg ttccagaaga agatatttgc aatattctgc 180
atctttgcac ccaggtgatt gaaatctctg aatatcgaac ccagctctat gaatatctac 240
aaaatcgaat gatggccatt gcacccaatg ttacagtcac ggttggggaa ttagttggag 300
cacggcttat tgctcatgca ggttctcttt taaatttggc caagcatgca gcttctaccg 360
ttcagattct tggagctgaa aaggcacttt tcagagccct caaatctaga cgggataccc 420
ctaagtatgg tctcatttat catgcttcac tcgtgggcca gacaagtccc aaacacaaag 480
gaaagatttc tgaatgctg gcagccaaaa ccgttttggc tatccgttat gatgcttttg 540
gtgaggattc aagttctgca atgggagttg agaacagagc caaattagag gccaggttga 600
gaactttgga agacagaggg ataagaaaaa taagtggaaac aggaaaagca ttagcaaaaa 660
cagaaaaata tgaacacaaa agtgaagtga agacttacga tccttctggt gactccacac 720
ttccaacctg ttctaaaaaa cgcaaaatag aacaggtaga taaagaggat gaaattactg 780
aaaagaaaagc caaaaaagcc aagattaaag ttaaagttga agaagaggaa gaagaaaaag 840
tggcagaaga agaagaaaca tctgtgaaga agaagaagaa aaggggtaaa aagaaacaca 900
ttaaggaaga accactttct gaggaagaac catgtaccag cacagcaatt gctagtccag 960
agaaaaagaa gaaaaagaaa aaaaagagag agaacgagga ttaacagaaa ggaattacga1020
ttatatcacc cggacacaca tcatgcttaa gattcaactg ggagcatacc agggatgctc1080
tctaacgtaa tcaagggaag gttcagtaag acaaagtgat ttatcatcta taacttcaaa1140
cctatttgtc ttgacatcaa ctctgttaac cttatgtcat catttcttag agtctttgat1200
atacaaataa aattttcttt gtatttttaa acaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa1260
aa

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 102:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1281 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

10

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 102

```

15 ggcggaagta gccgcaggca tggcggcggc tatgccgctg ttgctctgct cgtcctgttg 60
 ctccctggggc ccggcggtcg gtgccttgca gaacccccac gcgacagcct gcgggaggaa 120
 cttgtcatca ccccgctgcc ttccggggac gtagccgcca cattccagtt ccgcacgcgc 180
 tgggattcgg agcttcagcg ggaaggagtg tcccattaca ggctctttcc caaagccctg 240
 gggcagctga tctccaaagta ttctctacgg gagctgcacc tgtcattcac acaaggcttt 300
20 tggaggagccc gatactgggg gccacccttc ctgcaggccc catcagggtgc agagctgtgg 360
 gtctggttcc aagacactgt cactgatgtg gataaatctt ggaaggagct cagtaatgtc 420
 ctctcaggga tcttctgcgc ctctctcaac ttcctcgact ccaccaacac agtcactccc 480
 actgcctcct tcaaaccctt gggctctggc aatgacactg accactactt tctgcgctat 540
 gctgtgctgc cgcgggaggt ggtctgcacc gaaaacctca cccctggaa gaagctcttg 600
25 ccctgtagtt ccaaggcagg cctctctgtg ctgctgaagg cagatcgctt gttccacacc 660
 agctaccact ccaggcagt gcatatccgc cctgtttgca gaaatgcacg ctgtactagc 720
 atctcctggg agctgaggca gaccctgtca gttgtatttg atgccttcat cacggggcag 780
 ggaaagaaag actggtccct cttccggatg ttctcccgaa cctcacgga gccctgcccc 840
 ctggcttcag agagccgagt ctatgtggac atcaccacct acaaccagga caacgagaca 900
30 ttagagggtgc acccaccctt gaccactaca tatcaggacg tcatcctagg cactcggaag 960
 acctatgcc a tctatgactt gcttgacacc gccatgatca acaactctcg aaacctcaac1020
 atccagctca agtgaagag acccccagag aatgaggccc cccagtgcc cttcctgcat1080
 gccagcggtt acgtgagtg ctatggcgctg cagaaggggg agctgagcac actgctgtac1140
 aacacccacc cataccgggc cttcccggtg ctgctgctgg acaccgtacc ctggatatctg1200
35 cggtgtttac atccactacc agcctgcccc ggaccggctg caaccccacc tcctggagat1260
 gctgattcag ctgccggcca a 1281

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 103:

40

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 716 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

50

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

55

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 103

```

gggccccaga aagagaccaa tgtgttgtgc gacgggtggg tggcagtggc agtggcagat 60
ggtaccaggc gccccagaac tctaaggggc ctcaagtagt ttaaaacctc ggaggctgcc120
tgacttgggg ccaagggttt ctatgctcag gcctgacccc tcatggatta gtttctgctg180
10 gaaaaacttt ttctgccctc ggccagggtct ctatctcctt ctgccttaac atattttgga240
aggttgggtc ccagcagaga cggggccatg ggctcacact ctgacctctc ccacggcatt300
agccctgtct cagcctcttg gctgttacgc aagttaattc ctgcacaaga ctcaacaacag360
ggctgtggag gaagcaaagg agcccttttt atgcctctgt agtaggactg agagaggccc420
tctggccagc gtgagcctgc tggttcttcc cggactgtac caggccttga ggcggggtat480
15 ggaaacgccc cactctgggg cctgcttggg ggaaggggag gcggcagggg ttctttgggc540
ttctcgaggg tataatctga gctctctggg gaacgtgtgt ccattttagt gcagtagtcc600
gacacgtcgg gggactcaac ttacactggg gacaatctgt gtgtggtctg tttttagtaa660
attcatccac acaagagagt ggaggcatga acagggtgg ccttcctcgg atctca 716

```

20 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 104:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1160 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
25 (C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

30

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

35 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- 40 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 104

```

tttgttgttg gagaaaggag agaaaggaaa gcgcgagggg ccgccgccac caccagcgca 60
45 ggtccttggg gctgtgagga gattcggggc gtcaccctgc ctcccctgcg tcccgccacc 120
ggccgcttct gtccctcgac ccattccaac aatctcgtaa aacatggtgg attactatga 180
agttctaggc gtgcagagac atgcctcacc cgaggatatt aaaaaggcat atcggaact 240
ggcactgaag tggcatccag ataaaaatcc tgagaataaa gaagaagcag agagaaaatt 300
caagcaagta gcggaggcat atgaagtgtc gtcggatgct aagaaacggg acatctatga 360
50 caaatatggc aaagaaggat taaatggtgg aggaggagg ggaagtcatt ttgacagtcc 420
atttgaattt ggcttcacat tccgtaaccc agatgatgtc ttcagggaat tttttggtgg 480
aagggaacca ttttcatttg acttctttga agaccctttt gaggacttct ttgggaatcg 540
aaggggtccc cgaggaagca gaagccgagg gacggggtcg tttttctctg cgttcagtgg 600
atttccgtct ttggaagtg gattttcttc ttttgataca ggatttactt catttgggtc 660
55 actaggtcac gggggcctca cttcattctc ttccacgtca tttggtggtg gtggcattgg 720
caacttcaaa tcgatatcaa cttcaactaa aatggttaat ggcagaaaaa tcactacaaa 780

```



5 gagaattgtc gagaacggtc aagaaagagt agaagttgaa gaagatggcc agttaaagtc 840  
 cttacaata aatggtgtgg ccgacgacga tgcctcgtc gaggagcgca tgcggagagg 900  
 ccagaacgcc ctgccagccc agcctgccgg cctccgccc ccgaagccgc cccggcctgc 960  
 ctctgtgtg agacacgctg ctactgtct ctctgaggag gagggcgagc aggaccgacc1020  
 tggggcaccg gggccctggg acccctcgg cgtccgcagc aggattgaaa gaaggtggca1080  
 agaggaagaa gcagaagcag agagaggagt ttgaaggagg aaggaagttg gaccaaaggc1140  
 attgattaga ccgattttt 1160

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 105:

10

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1040 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

15

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

20

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

25

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

30

### (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 105

35 agcatccgct tccggttccc agactgaatt gtcagtgagc ggagtctgag gtcgctgtgg 60  
 actgcccact gggccttgcc cgagatggac agccggattc cttatgatga ctaccgggtg 120  
 gttttcttgc ctgcctatga gaatcctcca gcatggattc ctctcatga gagggtagac 180  
 caccgggact acaacaatga gttgacccag tttctgcccc gaaccatcac actgaagaag 240  
 cctcctggag ctgagttggg atttaacatc cgaggaggaa aggcctccca gctaggcatc 300  
 ttcactcca aggtgattcc tgactctgat gcacatagag caggactgca ggaaggggac 360  
 caagttctag ctgtgaatga tgtggatttc caagatattg agcacagcaa ggctgttgag 420  
 40 atcctgaaga cagctcgtga aatcagcatg cgtgtgcgct tctttcccta caattatcat 480  
 cgccaaaaag agaggactgt gactagaaa gttgcagccc acagcccttc atgtggactc 540  
 tgtcatgaca tgctaactag acttcagggg agccacttct gttttcagcc cctccctgga 600  
 atagttagtt gggaggatgg ggagacagct aaccaactgc attaccctaaa ccatattgca 660  
 cttttagttc cctagttttc taggtgagct tcattccctg aaaggaggat gatgatattc 720  
 45 aggcataacc tagcctgtga ggaacctagt taggaaagac aactgacatt tattgaatat 780  
 catgcactag tcccttatcat atgtcatatt ttaattatag aaatcagtag caaaaagaat 840  
 cttggggatt ttccatctga cttccctggc catcttatcc catccttgca ctaccagaag 900  
 attcatcac ttttgagact ccagttagac gctgttttca ccccttcctc ctctagacct 960  
 ctctcccaaa aagtaaaaca caatgctgaa gaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaggggg1020  
 50 gggccggccg gtgggtggtc 1040

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 106:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

55

(A) LÄNGE: 1336 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

10 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

15 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 106

```

20 cgagggacag aacctggtgc aggaggagtt ggcggcccg gggacccagc ccccgcccat 60
 ccgcaacggc ctggacaaag ccgcgaggtc cgcttcgagc gagctgagca ggccctgcgc 120
 cggttcagcc agggcccccac acccgctgcc gctgtccccg agggcacggc agccgagggc 180
 gctcccaggc aggaaaactg tgggtcccag caggtccccg caggccgggc actagcacc 240
 ctcccagcag ccccgctgcg acctgcgggc ccctgacgga tgaggacgtg gtcaggctgc 300
25 ggccctgtga gaagaagcgg ctggacatcc gtggcaaaact ttacctggcc ccctcacca 360
 cgtgtgggaa cctgcccttc cgacggatct gcaagcgctt cggggcggtat gtgacatgtg 420
 gagagatggc cgtctgcacc aacctgctgc agggccagat gtccgagtgg gccctactca 480
 aacgccacca gtgtgaggac atctttggcg tccagctgga gggcgccctc cccgacacca 540
 tgaccaagtg tgccgagctg ctgagccgca ccgtggaggt ggactttgtg gacatcaacg 600
30 tcggtgccc catcgacctc gtgtacaaga aggggtgggg ctgtgccctc atgaatcgct 660
 ccaccaagtt ccagcagatc gtccgtggca tgaaccaggt gctggatgtg ccgctgactg 720
 tgaagatccg cacaggcgtc caggagcgtg tgaacctggc gcaccgcctg ctgcccgagc 780
 tgccgggactg gggcggtggc ctcgtcacgg aaatggggac atcttgtcat ttgaggatgc 840
 caaccgcgcc atgcagactg gtgtcaccgg gatcatgatt gcccggtggcg cctgtctcaa 900
35 gccgtggctc ttcacggaga tcaaggagca gcggcactgg gacatctcgt cgtccgagcg 960
 cctggacatc ctgcgggact tcaccaacta cggcctggag cactggggct cggacacgca1020
 gggcggtggg aagacccggc gctttctgct cgagtggctg tccttcctgt gccggtacga1080
 tcccgtgggg ctgctggagc ggctcccaca gaggatcaac gagcgccgc cctactacct1140
 gggccgcgac tacctggaga cgctgatggc cagccagaag gcagccgact ggatccgcat1200
40 cagcgagatg ctcttgggc cagtgcctcc cacctcgctt tcttgccgaa gcacaaggcc1260
 aacgcgtaca agtagcctca ggctttccca ggggcaccct ggggcgagga gagtacaata1320
 aattttattc ttttaa 1336

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 107:

45 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
(A) LÄNGE: 812 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
50 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

55 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

5

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 107

```

ggcagcccaa tgtctcctgc acgtgcaatg caaacgctct ttgttccaga gcatggagat 60
cacggagctg gagtttgttc agatcatcat catcgtggtg gtcacgtgcc tgctgagcca120
ctacaagctg tctgcacggt ccttcatcag ccggcacagc caggggcgga ggagagaaga180
15 tgccctgtcc tcagaaggat gcctgtggcc tcggagacac agtgtcaggc aacggaatcc240
cagagccgca gtcttacgcc ccgcctcgcc ccaccgaccg cctggccgtg cgcccttcgc300
ccagcggagc gttttccacc gttgccagcc caatgtctcc tgcacgtgca actgcaaacg360
ctctttgttc cagagcatgg agatcacgga gctggagtgt gttcagatca tcatcatcgt420
ggtggtcagc tgccctgtga gccactacaa gctgtctgca cggtccttca tcagccggca480
20 cagccagggg cggaggagag aagatgccct gtccctcagaa ggatgcctgt ggccctcgga540
gagcacagtg tcaggcaacg gaatcccaga gccgcaggtc tacgccccgc ctggcccccac600
cgaccgcctg gccgtgccgc ccttcgcccc gcgggagcgc ttccaccgct tccagcccac660
ctatccgtac ctgcagcagc agatcgacct gccgcccacc atctcgtgtg cagacgggga720
ggagccccc cctaccagg gccctggac cttcaagggt cgggaccccg aggaggagtt780
25 ggaaattgaa cggggattgg gtgcggagac cc 812

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 108:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

30

(A) LÄNGE: 2681 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

40 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

45

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 108

50

```

gatgcttggt atcatcatca tgatgacgct gtgtgaccag gtggatattt atgagtgcct 60
cccatccaag cgcaagactg acgtgtgcta ctactaccag aagttcttcg atagtgcctg 120
cacgatgggt gcctaccacc cgctgctcta tgagaagaat ttggtgaagc atctcaacca 180
gggcacagat gaggacatct acctgcttgg aaaagccaca ctgcctggct tccggaccat 240
55 tcactgctaa gcacaggctc ctactcttc tccatcaggc attaaatgaa tgggtctctg 300

```

```

gccacccag cctgggaaga acattttcct gaacaattcc agcctgctcc ttttactcta 360
ggggcctctg tcagcaagac catggggact tcaagagcct gtggtcagga aatcagggtcc 420
agccttccct gtagccagac agtttatgag cccagagcct cctgccacac acatgcacac 480
atatctagca ttctttccag acagcatcct cccgccttc caccttggta gatgcaaggt 540
5 ctatctctcc catcagggtc gccaaagctg ggctttgttt ttcccagcag aatgatgcca 600
ttctcacaaa ccaatgctct atattgcttg aagtctgcat ctaaattattg atttcacgtt 660
ttaaagaaat tctcttaaat tacaattgtg cccaatgcag ggtggctctg gggggcaagt 720
aggtggtaca ggggattgga aacatgctcc gcgcctccag agaaaagtgtg ctcccaggt 780
ccatgccctt ggaacgtgtt cctatcactc tggctggttg ggctggtcct tagactgggt 840
10 gcttatgatt aaagggtctt ggtagccca ctttccctct ccatgtggag atggaaggta 900
gagaaggata cagtgtctat cctcaagttg ctacggttca gtgagagagg cagacatctg 960
aacaggcagg taggattcag tgtgctcagt gcactgggga tttggagaga gatgggcttg1020
ctctctctgt gcacccagga gggccacgca cttaaaactg tgtttgtgga tcagagaagg1080
ctttatagca cagggggcat tcagatgagt cttagaggaa gagaagaaac atggcaagca1140
15 gattacatct gagccgtttg aattgtgttt ttctttcttc ccatgtttat tttctaagat1200
ctacctgaac ttagagactc aagatatttt tttaggaaac ctctaccoca tgtctgaggt1260
agcaagtgca gcctcacgac agataccagg caatccagag ccacaaaacg tgattcctcc1320
aggctctgcc tggcctgacc ctgtcctgtc agctgggttt acataccagt cccattcttc1380
cttttcaata aataccccca aatcttctcc taaccaccat taaagcattt tttgcttta1440
20 aagcatcctg accccaattt ctttgagctc acgggccttt tgctgaaggt ctctcagggt1500
gtagtggtgt ggctctctgg acttaacgtc actctcagag gtcagaacct tggagatcag1560
aactgattct caccaggtgt gagagggtgt gtagcagatt gcaatgctct gcacctcttc1620
cttgcaagtg agcaacttca ggctctctgt gtagaggctg gccactgta gtttgagac1680
atgctctcca gatggtttta ctaagtcccc tctcctgat agggaatcct gctggaccag1740
25 cgcagcctgg gtgtggagag gttaaaagac ttgcacagga tcaccaagtc atgctgtaga1800
gccaggattc ctagaccagc ggctctgcac tctcaaggct ggccccatgt gctcaagggt1860
atctaattgt tgggctccaa actaaccatc tcggagctgg gctcctcatt tactgccaaa1920
ccctcagctt atgtagctag aaaggccctt ggagtggaga agcctggatt ttcaaattga1980
tgctccccta ctgactagct gtgccactct gggcaaatgc tcttcttga gcctgtttcc2040
30 acacctgtaa agtggggatg atgatectat ctcaactgct ttgtgaggat tacaggaaag2100
cacctgtcct ggctctgtac ctggcacgta gtaggtgctc agttcatgct ggtttccttc2160
ctgcctttag tagggacctg ctctgtgtc acacctcggc tgcattgcacc ctgctgtgac2220
ggaggctagt gtggaagagg tcctgtcctc agggaattaa ctgtcttatt gggagacaac2280
aactgtcctc cttggaacac ccaagaaacc atgcaaagca gtggacaaca cagaacacgc2340
35 cctcctcctc gctgcctgca gctccaatct gattctgctt gggaatgggc ggagcacgtg2400
ggctgcttaa ctgctgtata ggacaagccc cttaccctc tctgggccc tgaattcctg2460
gcttggttta tgttctgatt tgacacactg attttaatct tcgaatcatg acactgagtg2520
cagaggaggt ggcattccga cagcaggaca tacatgttgg tgtgaagact gggacgacac2580
tgggtagaat ctagttttta attattatta atataaagga tcaaattaat ttaaatatga2640
40 atccgaagtc cacagaactt taagtgtgtt gccggccatg t 2681

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 109:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
- 45 (A) LÄNGE: 1407 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear
- 50 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 55 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

5

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 109

```

cttgggacgg aagcctagct ggggtggggg cgccgggctg gagccttcgc aggggagcgg 60
gctcagtcac caccctgcgc ccagagtgga ctacagcccc acgtccccac ccatccccgg 120
10 ggagccaggg ccgcagaggg aggtagataa gtggggtggc agcctgggtc ggccagagag 180
ttcaggccac ccgggccgga cgcctgccac ttgctgtcac tgtgccgtg tcatggcacg 240
ctccgggagt gccacgccac ctgccggggt tccgggagcc cctccacgga gccacccca 300
gaggctggtg caggatgtca gtgggccccct gagggagctg cgccctcggc tctgccacct 360
gcgaaaggga cctcagggtt atgggttcaa cctgcatagt gacaagtccc ggcccggcca 420
15 gtacatccgc tctgtggacc cgggctcacc tgccgcccgc tctggcctcc gcgccagga 480
ccggctcatt gaggtgaacg ggcagaatgt ggagggactg cgccatgctg aggtggtggc 540
cagcatcaag gcacgggagg acgaggcccc gctgctgggt gtggaccccg agacagatga 600
acacttcaag cggcttcggg tcacacccac cgaggagcac gtggaagggt ctctgccgtc 660
acccgtcacc aatggaacca gccctgcccc gctcaatggt ggctctgctg gctcgtcccg 720
20 aagtgcacct cctggttccg acaaggacac tgaggatggc agtgctgga agcaagatcc 780
cttcaggag agcggcctcc acctgagccc cacggcggcc gaggccaagg agaaggctcg 840
agccatgcga gtcaacaagc gcgcgccaca gatggactgg aacaggaagc gtgaaatctt 900
cagcaacttc tgagccctt cctgcctgtc tcgggacctt gggaccctc ccgcacggac 960
cttgggcctc agcctgcccc gagctcccc agcctcagtg gactggaggg tggctcctgcc1020
25 attgccaga aatcagcccc agccccggtg agccccatc ctgcccctgc ccaccaggta1080
ctgggggcct gtggcagcaa gataggggga gagagacca gagatgtgag agagagtcag1140
agacagagac agagagagag agagagagac acagagagag acagagagag agcgagcgag1200
cgcgcggcag ccgcggggcg agggcctttg ctgctctgcc ggggcctgct gactgaaagg1260
aatttgtgtt tttgttttt ttccaaaaag atctccagct ccacacatgt ttccacttaa1320
30 taccagagac ccccccgctc aaagccccc tccccggccc cttgggacgc gctctaaata1380
attgcaataa aacaaacctt tctctgc 1407

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 110:

## 35 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1376 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

45

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

50

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## 55 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 110

```

cgaagaagcc ccgccccgtc ccgcttagac aatgccccgg agccgccaga ccgtcgcgcc 60
cctgccccat cgtagtatat gagctcgctt acacaaggac ccccgctaaa agccagagct 120
cccagtcccc gaggtcttga gacggggact cccttctcca ccaactctgt cctcgggggg 180
tggggcccca gccgagatca .cagcgcgaca ggagtggggg tggccgctgg agacaggtga 240
5 agaaacaaga aaactaagaa atccgagcgg ttggaggggg agtctgtgtg gatgggatgg 300
ggacgcgggg ggaggggctg ggccgctgct cccatgccct gatccgggga gtcccagaga 360
gcctggcgtc gggggaaggt gcgggggctg gccttcccgc tctggatctg gccaaagctc 420
aaagggagca cggggtgctg ggaggtaaac tgaggcaacg actggggcta cagctgctag 480
aactgccacc tgaggagtca ttgccgctgg gaccgctgct tggcgacacg gccgtgatcc 540
10 aaggggacac ggccctaata acgcggccct ggagccccgc tcgtaggcca gaggtcgatg 600
gagtcgcgaa agccctgcaa gacctggggc tccgaattgt ggaaatagga gacgagaacg 660
cgacgctgga tggcactgac gttctcttca ccggccggga gtttttctga ggcctctcca 720
aatggaccaaa tcaccgagga gctgagatcg tggcggacac gttccgggac ttccgcgtct 780
ccactgtgcc agtctcggtt cctcccacc tgcgcggtct ctgcggcatg gggggacctc 840
15 gcactgttgt ggaggcagc agcgacgctg cccaaaaggc tgtccgggca atggcagtg 900
tgacagatca cccatatgcc tccctgaccc tcccagatga cgcagctgct gactgtctct 960
ttcttcgtcc tgggttgccct ggtgtgcccc ctttctctct gcaccgtgga ggtggggatc1020
tgcccaacag ccaggaggca ctgcagaagc tctctgatgt caccctggta cctgtgtcct1080
gctcagaact ggagaaggct ggcgccgggc tcagctccct ctgcttggtg ctacagcacac1140
20 gccccacacag ctgagggcct ggccctgggg tactgtggc caggggtagg atagtatagg1200
aagtagaagg ggaaggaggg ttagatagag aatgtgaat aggcagtagt tgggagagag1260
cctcaatatt gggggagggg agagtgtagg gaaaaggatc cactgggtga atcctccctc1320
tcagaaccaa taaaatagaa ttgacctttt aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa agttct 1376

```

25 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 111:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 30 (A) LÄNGE: 854 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

35 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

40 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- 45 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 111

```

acgtatagtc gggtcggctg gtggagtagc tcagagtagg gggagcgccg taattgacac 60
50 atctcttatt tgagaagtgt ctgttgccct cattaggttt aattacaaaa ttgatcacg120
atcatattgt agtctctcaa agtgctctag aaattgtcag tggtttacat gaagtggcca180
tgggtgtctg gacaccctg aaactgtatc aaagttgtac atatttccaa acatttttaa240
aatgaaaagg cactctcgtg ttctcctcac tctgtgcact ttgctgttg tgtgacaagg300
catttaaaga tgttcttgcc attttctttt tatttgtaag gtggtggtaa ctatggttat360
55 tggctagaaa tcctgagttt tcaactgtat atatctatag tttgtaaaaa gaacaaaaca420
accgagacaa acccttgatg ctcttgctc ggcggttagg ctgtggggaa gatgcctttt480
gggagaggct gtagctcagg gcgtgcactg tgaggctgga cctgttgact ctgcaggggg540

```

catccattta gcttcaggtt gtcttggttc tgtatatagt gacatagcat tctgctgccca600  
 tcttagctgt ggacaaaggg gggtcagctg gcatgagaat attttttttt ttaagtgcgg660  
 tagttttttaa actgtttgtt tttaaacaaa ctatagaact cttcattgtc agcaaagcaa720  
 agagtcaact catcaatgaa agttcaagaa cctcctgtac ttaaacacga ttcgcaacgt780  
 5 tctgttattt tttttgtatg tttagaatgc tgaaatgttt ttgaagttaa ataaacagta840  
 ttacattttt aaaa 854

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 112:

### 10 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1681 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

20

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

25

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

### 30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 112

ttcagctttt gccgaaatgg gtagtgatca cacacagtca tctgcaagca aaatctcaca 60  
 agatgtggac aaagaggatg agtttggtta cagctggaaa aatatcagag agcggttatgg 120  
 aaccctaaca ggagagctgc atatgattga actggagaaa ggatcatagt gtttgggcct 180  
 35 aagctcttgc gggaacaaag accgatccag gatgagtgct ttcatagtgg ggattgatcc 240  
 aaatggagct gcaggaaaag atgggtcgatt gcaaattgca gatgagcttc tagagatcaa 300  
 tggtcagatt ttatatggaa gaagtcacat gaatgcctca tcaatcatta aatgtgcccc 360  
 ttctaagtg aaaataattt ttatcagaaa taaagatgca gtgaatcaga tggccgtatg 420  
 tcctggaaat gcagtagaac ctttgccttc taactcagaa aatcttcaaa ataaggagac 480  
 40 agagccaact gttactactt ctgatgcagc tgtggacctc agttcattta aaaatgtgca 540  
 acattctgga gcttcccaag gaggcagggg gggttgggta ttgctatcag cgaagaagat 600  
 aactcagtg gagtcacat aaagagctta acagagcatg gggtagcagc cacggatgga 660  
 cgactcaaag tcggagatca gatactggct gtagatgatg aaattgttgt tggttaccct 720  
 attgaaaagt ttattagcct tctgaagaca gcaaagatga cagtaaaact taccatccat 780  
 45 gctgagaatc cagattccca ggctgttccct tcagcagctg gtgcagccag tggagaaaaa 840  
 aagaacagct cccagtctct gatgttccca cagtctggct cccagaacc ggagtccatc 900  
 cgaaatacaa cgagatcatc aacaccagca attttggct ctgacctgc aacctgcccc 960  
 attatccctg gctgcgaaac aaccatcgag atttccaaag ggccaacagg gctgggcctg1020  
 agcatcggtg ggggttcaga cacgctgctg ggtgccatta ttatccatga agtttatgaa1080  
 50 gaaggagcag catgtaaaga tggaagactc tgggctggag atcagatctt agaggtgaat1140  
 ggaattgact tgagaaaggc cacacatgat gaagcaatca atgtcctgag acagacgccal200  
 cagagagtgc gcctgacact ctacagagat gagggcccat acaaagagga ggaagtgtgt1260  
 gacaccctca ctattgagct gcagaagaag ccgggaaaag gcctaggatt aagtattgtt1320  
 ggtaaaagaa acgatactgg agtattttgt tcagacattg tcaaaggagg aattgcagat1380  
 55 gccgatggaa gactgatgca gggagaccag atattaatgg tgaatgggga agacgttcgt1440  
 aatgccaccc aagaagcggg tgccgttttg ataaaagtgt ttccctaggg cacagttaac1500  
 cttgggaagt tgggaaggat tcaaagctgg gtcccgttcc gtttcaggag gagggagggc1560

cgtttttcaa aggcagccca gggttgagtt tgaaggggca gcctctttcg tcttttttca1620  
 cgtttttccc acttttttgg ggatccccgt ttacattttg agttccactt ggggaagtta1680  
 g 1681

5 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 113:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 10 (A) LÄNGE: 852 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

15

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

20 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- 25 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 113

30 ggcaatttcc gttaggtgct gaaggctgtg gcgcgcggct gtccccattc ccacgtgaag 60  
 cgctacgcta gcatcgctcg gctggcggct cccagctcgc cgcgagcag tcccggcagc120  
 agcgggggac cggaagtggc tcgcggaggc tcagaagcta gtcccggagc ccggcgtgtg180  
 gcgcctcgga gcacggtgac ggcgccatgt ccctaactctg ctccatctct aacgaagtgc240  
 cggagcaccc atgtgtatcc cctgtctcta atcatgttta tgagcggcgg ctcacgaga300  
 agtacattgc ggagaatggt accgacccca tcaacaacca gcctctctcc gaggagcagc360  
 35 tcatcgacat caaagttgct cacccaatcc ggccaagcc tccctcagcc accagcatcc420  
 cggccattct gaaagctttg caggatgagt gggatgcagt catgctgcac agcttcactc480  
 tgcgccagag ctgcagacaa ccgcgcaaga gctgtcacac gctctgtacc agcacgatgc540  
 cgctgcccgt gtcattgccc gtctcaccaa ggaaactgtg aaggggatgg gcaggagggc600  
 ttgtgcaggg ttttgaagc agtgatctag ttctattaaa aaaagaaaac aataaaaaag660  
 40 ccctgcacaa ggcctacagc ccctctccct tctgtcgtt caatggacgt ggtggtggct720  
 gttccacacc catTTTgttg cagttcctgt gagacaggag aggctgagcc aagggaactg780  
 tgaaggggat gggcaggagg gcttgtgcag ggttttgtaa gcagtgatct agtttcatta840  
 aaaaaagaga ac 852

45 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 114:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 50 (A) LÄNGE: 1739 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

55



(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

5 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
10 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 114

```

15 gaagcccggg gcctggcgac gcgcacgcgg agcggagcgg cagcgcacgc gggcgatcgc 60
 ttcacggatg cggacgacgt agccatcctt acctacgtga aggaaaatgc ccgctcgccc 120
 agctccgtca ccgctaaccg cttgtggaaa gcgatggaga agagctcgct cagcgagcac 180
 tcgtggcagt cctgaagga ccgctacctc aagcacctgc ggggccagga gcataagtac 240
 ctgctggggg acgcgcgggt gagccccctc tcccagaagc tcaagcggaa ggcgaggagg 300
 gacccggagg ccgcggatag cggggaacca cagaataaga gaactccaga tttgcctgaa 360
20 gaagagtatg tgaaggaaga aatccaggag aatgaagaag cagtcaaaaa gatgcttggtg 420
 gaagccaccc ggaggtttga ggaggttggt gtggatgaga gccctcctga ttttgaaata 480
 catataacta tgtgtgatga tgatccaccc acacctgagg aagactcaga aacacagcct 540
 gatgaggagg aagaagaaga agaagaaaaa gtttctcaac cagaggtggg agctgccatt 600
 aagatcattc ggaggttaat ggagaagtgt aacttgatc tatcaacagt tacacaggcc 660
25 ttcctaaaaa atagtgggtga gctggaggct acttccgcct tcttagcgct tggtcagaga 720
 gctgatggat atcccatttg gtcccagaca gatgacatag atttgcaaaa agatgatgag 780
 gataccagag aggcatttgt caaaaaattt ggtgctcaga atgtagctcg gaggattgaa 840
 tttcgaaaga aataattggc aagataatga gaaaagaaaa aagtcatggt aggtgagggtg 900
 gttaaaaaaa attgtgacca atgaacttta gagagttctt gcattggaac tggcacttat 960
30 tttctgacca tcgctgctgt tgctctgtga gtcctagatt tttgtagcca agcagagttg1020
 tagaggggga taaaaagaaa agaaaattgga tgtatttaca gctgtccttg aacaagtatc1080
 aatgtgttta tgaaggaag atctaaatca gacaggagtt ggtctacata gtagtaatcc1140
 attgttgga tggaaacctt gctatagtag tgacaaagt aaaggaaatt taggaggcat1200
 aggccatttc aggcagcata agtaatctcc tgtcctttgg cagaagctcc tttagattgg1260
35 gatagattcc aaataaagaa tctagaaata ggagaagatt taattatgag gccttgaaca1320
 cggattatcc ccaaacctt gtcatctccc ccagtgaact ctgatttcta gactgctttg1380
 aaaatgctgt attcattttg ctaacttagt atttgggtac cctgctcttt ggctgttctt1440
 tttttggag ccttctcagt caagtctgcc ggatgtcttt ctttacctac ccctcagttt1500
 tccttaaaac gcgcacacaa ctctagagag tgtaagaat aatgttactt ggtaaatgtg1560
40 ttattttatt agtattgttt gtgctaagca ttgtgttaga tttaaaaaat tagtggattg1620
 actccacttt gttgtgttgt tttcattgtt gaaaataaat ataactttgt attcgaaaaa1680
 aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa gaggagaaaa agaggggaaa gggggaagag gagcaaaa 1739

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 115:

45 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
(A) LÄNGE: 805 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
50 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

55 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 115

```

ataggcgcac cccaaggtca gggtcacctc gagcctccag acaactgcgt caccttgacg 60
accaactgaa aaaaccggaa gggatggaag cagcggatca tctcgcgata tctggagcgt 120
ctgcgcctgc cttcctgacc tgggacttgt ttccagctct cgcgagactt tcaggggtcg 180
gagcgcgggg gccggccgag aggaaagctg gaggcgcggg tggggaacat gtctgagtcg 240
gagctcggca ggaagtggga ccggtgtctg gcggatgcgg tcgtgaagat agaatcctgg 300
taattgatgt ccacccgaga aatccctgca gatgttccag cctctgtcta gtccagatag 360
ccacaggaag ggtactggtt ttggattagg aattgttttc tcacttacct tctttaaaag 420
aagaatgtgg ccattagcct tcggttcttg catgggatta ggaatggctt attccaactg 480
tcagcatgat ttccaggctc catatcttct acatggaaa tatgtcaaag agcaggagca 540
gtgacttcac ctgagaacat ccagcggga ggacaagaga aatcatgttt attcctcagg 600
aatactgaag tgccctggag taagctgcca ttcttctgta acaatgttat cagtaatgct 660
ttaaactcca gcacctggtt atgcatttga aaccaagtct gtttcttggt ttgtattttc 720
tctctggaag ttgtaaggag gtggtcttaa ataaattaaa caaaaatagg aagtccaaaa 780
aaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaa 805

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 116:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
 (A) LÄNGE: 1483 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 116

```

tgaaaaagac ccaacgccaa cacctggtgc cttttgcagc cagcgcacac ccatccgtgc 60
ccggaccctt ggaatgccc gcggtccag aggaataagc ccaggacgg ggctccgtt 120
gcgggggggc ggctgcttct tgggaacttt gtcgtttccg gcgctggctg gctggctggc 180
tgtaaaagcac tgaagccccc cggccgcaa cccctgaaag cagaacctgg cctccctggc 240
cacagcagcc ttacccaccg ctctacgtgt cccgggcaact tcccgcagcc ttcccgctcc 300
tttctcatcg gcctttagt tgtacagtgc tggtggttg aaaaggtagt gtgtggggag 360

```

```

5 tggcgctcat cactgagtag agaggtagaa tttctattta accagacctg tagtagtatt 420
 accaatccag ttcaattaag gtgatttttt gtaattatta ttatttttgt gggacaatct 480
 ttaattttct aaagatagca ctaacatcag ctcatagacc acctgtgcct gtccccgcct 540
 tggccccgct ggatgaagcg gcttccccgc agggccccc cttcccagtg gctgcttct 600
10 ggggacccag ggcaccccgg caccttcagg cacgctcctc agctggtcac cteccggctt 660
 tgccgttcag atggggctcc tgaggctcag gagtgaagat gccacagagc cgggctcccc 720
 taggctgcgt cgggcatgct tggaaagctgg cctgccagga ccttccaccc tggggcctgt 780
 gtcagccgcc ggccctccgc accctggaag cacacggcct ctgggaagga cagccctgac 840
 cttcggtttt ccgagcacgg tgtttcccaa gaattctggg ctggcggcct ggtggcagtg 900
15 ctggagatga ccccgagccc ctccccgtgg ggcacccagg agggccctgc cggaatgtgc 960
 agcctgtggg tagtcggctg gtgtccctgt cgtggagctg ggggtcgtga tctggtgctc 1020
 gtccacgcag gtgtgtggtg taaacatgta tgtgctgtac agagagacgc gtgtggagag 1080
 agccgcacac cagcgccacc caggaaaggg ggagcgggta ccagtgtttt gtgtttattt 1140
 ttaatcaaga cgtttccctt gttttcctat aaatttgctt cgtgtaagca agtacataag 1200
20 15 gaccctcctt tggtgaaatc cgggttcgaa tgaatatctc aaggcaggag atgcatctat 1260
 ttttaagatgc tttggagcag acagcttttag ccgttcccaa tccttagcaa tgccttagct 1320
 gggacgcata gctaatactt tagagaggat gacagatcca taaagagagt aaagataaga 1380
 gaaaatgtct aaagcatctg gaaaggtaaa aaaaaaaaaa tctatttttg gacaaatgta 1440
 attttatccc ccatgggatg cttgggtatg gcggggggga ggc 1483

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 117:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 25 (A) LÄNGE: 1347 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

35 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

40 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 117

```

45 tgaggctctc catgactgca agtgttatat tggactggat ggtcatgaag tccctttcat 60
 agccagagat tttgtgtggc tgctaaaaatg cttacatctc tggctatgaa agggacttca 120
 tgaccatcca gtccaatata acacttgcag acagagaaac tgaggctctc catgacttgc 180
 ctagtctccc agctagtttg aggcaaaact ggattccac tctgggtattc tttcttccct 240
 ttacatcatt ttccctcctt tataatgtcc tgagagacca gaactcacac cagaatcgat 300
50 tattcctcag gtgaagcata gactctttca tggtagacag atttcacgac tcagagatag 360
 aaatctcttg ctatcatcag gtcacgggca gctcctgtgg agtcctgccc aacttatgtg 420
 gcttcataaa aatggcaaca gtccaggctc cttgcctaata tttagagcat taactcccta 480
 attgccagta agcaaggagg tggatctctg caaacctaca ctgtctatga cagctctagt 540
 tgtacttggg gtgactaaat acctcaaagg caacctgctt ctgcaggttt tgaagtgtca 600
55 gcttcataag acactgaggt ttagaattgt ttgattctag accataactg aagggcataa 660
 atggaaacag gatatgaagg gaaacaagta gcatcatgga gctgaaaagt ggtgcatcac 720
 ccaatggcta gcacaaacaa ggatcacact gtccattctc ttgtctgcta aattaagcat 780

```

```

 tttcttgccct cctttgcttc atcttttcac aacagctgga tagagggatc agaaatgact 840
 gtgtcatggt gctcattcac tgcaaaactcc cagttgcaag ctccctgggt cccccggagg 900
 gagcaagaat ctcatagttc agagacacag agggcctttt agccctaattg accttttgga 960
 tgggactgca actcatgact atcctgatat tgggaagaaag gactttgtta atcttctccc1020
5 ccatagctct gctgcgtagg tctacatctt actcagaatc actacacatt ccttttagtct1080
 tcttccaagc tccagagcca ttggtacaaa tgctttattg aaactaaata cataatacac1140
 acaatgagat gaagacaata tagaagtccg catagtcac ataatcccgt tccttggccg1200
 gttgaggcag ctcaagtggc gagcccagtc aagccaaccc gcagcttcac tcacgacttc1260
 aagatttgat gctaattctt ttggatttct acagttatta aataagtgtc tgagtggaaa1320
10 aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaat
 1347

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 118:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
- 15 (A) LÄNGE: 1683 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear
- 20 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 25 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:
- 30 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:118
- 35 aattcggcac gatgggggga atctccgacc ccgacaccct acacatctgg aagaccaaca 60  
gccttcctct ccggttcttg gtgaacatcc tgaagaaccc ccagtttgct tttgacatcg 120  
acaagacaga ccacatcgac gcctgccttt cagtcacgcg gcaggccttc atcgacgcct 180  
gtcccatctc tgacctgcag ctgggcaagg attcgccaac caacaagctc ctctacgcca 240  
40 aggagattcc tgagtaccgg aagatcgctg agcgctacta caagcagatc caggacatga 300  
cgccgctcag cgagcaagag atgaatgccc atctggccga ggagtcgagg aaataccaga 360  
atgagttcaa caccaatgtg gccatggcag agatttataa gtacgccaag aggtatcggc 420  
cgagatcat ggccgcgctg gaggccaacc ccacggcccg gaggacacaa ctgcagcaca 480  
agtttgagca ggtggtggct ttgatggagg acaacatcta cgagtgtctac agtgaggcct 540  
45 gagacacatg gagagttggt caggctgctg ctgggagaaa tggacgcca ctgggcctca 600  
acttgatctt ctaccccgtg cctgtgactc agactgggaa atactgagca gagacggctg 660  
gggcgggggc aggaggagg gctgctctct gagacagggg cgcccccgcc ttgacccctg 720  
ggcacctcca tccccctcca cctgtcccca gatcagtctc tgggatggag gccagagagc 780  
tggtcaggct cccccatctg ccagcagcg cctgcactgt gccacccac ttgctccaca 840  
50 acgtccagtt ggtcctgctg ccaagagccc cgtgcatcca ggcggccaag cacaactgg 900  
gggagaggag gccgccagcc cggaggctgc agcccagaaa ctctacctca tccacactgg 960  
tgaggggagc cctccttgaa ctgacctttg attggtttct gcttcaacta ccaaaatgtt1020  
atctccactt cccctcacc cgtagaggat cctggccaca gacagtttca agtagtgtca1080  
gatttttggt gcttgggcgg ctggttgtag agtgggcagt gcccgcgcca tggggtgctc1140  
55 tgtgggcttc tccaggagca gggagggttg aggggagggg tggggggcac aggagctggg1200  
agccccgtct ccaggaaaag gagagggtt aagatgcacc gaggctgtag ctgggctact1260  
tgatcttgct gaaagtgttt ctaaaagatag caccactttt ttttttaaag cttttatata1320

ttaaaaaacg tatcatgcac caactgtgaa tagctgccgc ttgcgcagag gacccgggga1380  
 ggggtcccgag gaggtcccc atgcaacact ggaaatgact gttccagaga gcgggcagac1440  
 ctggcagagc gcccttgccg cctgagacta ccaccactc cgttcctgcc agaaacgacc1500  
 ctctgtggcc gatgggcat gcgggccct cgcagccaac tcagccagtg ttgggactgg1560  
 5 ctcagagccc atgggggctg gaggggggca gctgggactc tggaatcttc ttataataa1620  
 aagccttacg gacaaaccta aaaaaaaaaa aacaagacaa gagagggaaa gggaaagaag1680  
 ggg 1683

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 119:

10

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1355 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

15

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

20

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

25

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

30

### (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 119

acaagcatgg aagctttact gtttcggctc ttcaaacttc cagcaactac actgcggtgc 60  
 atcggacttc gacgcccgtt ggtgacgcac acgctgcgcc ggaagtgtga acacaaagcc 120  
 35 tccaggtctt gtcattggcg ctgctgctgc acgctggaac catgtgtggg tcggcaccga 180  
 gactgggatac ttgaaagggg taaatcttca gcgaaaacag gcggcgaact tcacggccgg 240  
 aggacagccg cggcgcgagg aggcatgtg cgcctgtgt tggggcaccg gcggcgagac 300  
 ccagatgtcg gtgggctgcg cggacaggac ggtgaagcac ttcagcaccg aggatggcat 360  
 attccagggt cagagacact gcccgggcgg ggaggcatg ttccgtggcc tcgcccaggc 420  
 40 cgacggcacc ctcatcacat gtgtggattc tgggattctc agagtctggc atgacaagga 480  
 caaggacaca tcctctgacc cactcctgga actgagagtg ggccctgggg tgtgtaggat 540  
 gcgccaagac ccagcacacc cccatgtggt tgccacaggt gggaaagaga atgctttgaa 600  
 gatattggac ctgcagggtc ctgaggaacc tgtgttcagg gccaaagaac tgccgaatga 660  
 ctggctggac ttgcgggttc ccatctggga ccaggacata cagtttctcc caggatcaca 720  
 45 gaagcttgtc acctgcacag ggtaccacca ggtccgtgtt tatgatccag catccccca 780  
 gcgcccggca gtcttagaga ccacctatgg agagtacca ctaacagcca tgaccctcac 840  
 tccgggaggc aactcagtga ttgtgggaaa cactcatggg cagctggcag aaattgacct 900  
 tcggcaaggc cgtctactgg gctgtctgaa ggggctggca ggcagtgtgc gtgggttgca 960  
 gtgccaccct tcaaagcctc tactagcctc ctgtggcttg gacagagtct tgaggataca1020  
 50 caggatccag aatccacggg gtctggagca taaggtttat ctcaagtctc aattgaactg1080  
 cctcctcttg tcaggcaggg acaactggga ggatgagccc caagagcctc aagaaccca1140  
 caaggtgccc ctagaagaca cagagacaga tgaactttgg gcatccttgg aggcagtgc1200  
 caagcggaag ctctcgggtt tggagcagcc ccaaggagct ctccaaacga gacggagaaa1260  
 gaagaagcgg cctgggtcca ccagcccctg acgcccctgt gcccactttg taaataaaact1320  
 55 gctgaacacc caaaaaaaaaa gaaaaaaaaa agggg 1355

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 120:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1816 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 120

```

25 ggctcagagag attctgaaaa gtaatccaaa gtgttccgta gctaaacatg gtgcaggctc 60
 gttgtaccac tgcaaccgac tgacgttact gtagttccta gaatgctgtg agggcggggg 120
 gttcagatca acataaagcc taacttgctg gagttgtagt ctcaaggctt tctctcttgc 180
 ttaactaaaa cctaaggacc actgtttttg gttagcaatta tatggttact atccactgca 240
 gtcctcagtt gttggggtaa atcccacatg gcagagtaag gcaccccaca gaaattaact 300
 tggagagcct gagaaattcc cagtggcctt ggcatagctg tctagaacac catctctagg 360
30 aaaatttaat tctgtccctg gccagctatt gttcttcac ttcgttttct gctgtcccaa 420
 ggccagatga gtggaatcac catctgactg ttgtcaataa aatgtatctg gcgtgaacag 480
 caggataacc catgttctcc acataaggat aaccttacgt gaaaccttcc tgctgacaac 540
 catgcagagg aatttttcca cttaaagtcag agccttcctc cccatctgga attcacagct 600
 gttccctggc agcacacagg agggatttaa ggacctttgt gaggctaggc aactgtcca 660
35 cacctctttg gggaagttac gatttttttt ttccatcata attcagtctc ttcttattct 720
 acagtgtgca ctttatgcct ctgccttttt gataatagtt gttcagtga ggaagtcagc 780
 tgccagaata ttaagaaggg tctcccttta tgcagtaga actgttaggg cggccttccc 840
 atttacttta gggttcaaga ggattcaccc gaagcacatg ccccggtcta gtccatttgc 900
 aaacagttct gctttactga gaccctaggc cggctcctt gctgacctta gcgctgctgc 960
40 ctaggtgcca tttcctttcc tcctcagtc aatacaggct gcacattttg tcaacttaatg 1020
 ccagtacaat ctgtgttact cctaaggact tttgggattt tgatgagacc tgcgaggag 1080
 aagacactga gaagccagtg atctgcaagc atttgctctt gtttccacat cacctctggg 1140
 atatttcagc tggtgtttcc aaatggcaaa tcatcaacta aaagcacttg tttcaagttt 1200
 tgttctgcac tcccacgact gaagttgtag attgagctga ataaccatgg gaagtgaac 1260
45 agcaaagaca ctogattgga gtcagttgaa tatttgtagg ctgagtgagg cccttctgg 1320
 cttttcttcc acttctgcag aatttctctt agcaaatact tctttctcct tgcttgctc 1380
 caccatgata tttgaataag agatggccag aggataaac ttgtctctta aaaactaagc 1440
 taaaaagaac ctagaacctt caattgagca gttgtgaaaa ttgctaattg tgccaaggcc 1500
 aagcaaagag tttcagaaaa tgaactgagaa ggagcgataa cccccagaat gcaaaatcag 1560
50 gggcatcatt atccggtgct tgaacaagga gctccgctct acaactgggt tttttaggac 1620
 ttgtgaggaa cacagcaacg gaaatccatc cacaaaggat gcagtgtccc aactgtact 1680
 gcgcctgaat agtcatgtga taatttactg aagaaatcta gtgtacttta aatttttttc 1740
 ataaaagttt acattgtatt gtagggttaac attaaatggt ttatagcaaa aacttcaaaa 1800
 aaaaaaaaaa aaaaaa 1816

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 123:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 740 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

5 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

10 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

15 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

20 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:123

25 tttagaattc agcataggtt gaggtcagaa agcaattcag gcatgagcca ccgtgccccg 60  
 cttcacaccc atttctttaa aaaggatccc gtagcaggca gaaaagcccc ttccatcctg120  
 ctctctgat actgtgcccc cttggagata tttccgtcct ccaccacgt. gtctgtggct180  
 ggaactgccc agcctgctcc tggccccctg gaagcctccc cacagctggt aatctggact240  
 taaggattgc tgggccaccg cctctctgcc taccaccatt ccatatttaa gtggagcccc300  
 tacgtagaaa ggccccgggg ctttatttta gtctcctttt cagggatgtc gtgggcgggg360  
 gagggggttc ttggtgctac agccctctcc ccaccctaa agggacgccg acgctgtttg420  
 30 ctgccttcac cacatattag tgcttgacc tggcaggga ccccatggaa aagatgggga480  
 agagcaaaat acatggagac gacgcacct ccaggatgct cgctgggatt cccacgcca540  
 ccactgtccc ccaccccatg gctgggaggg gcctctgaac ggaacagtgt cccacagag600  
 cgaataaagc caaggcttct tcccaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aagataggtt660  
 agttaaggcg gccgaaagtt ttttccctt tagtaagggt tagtttttag tttgggggtg720  
 35 gccttcggtt ttaagaacgt 740

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 124:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

40 (A) LÄNGE: 1493 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

50 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 124

```

aacacctgcc ctggttcagc gcttttagga gggcggtctca ggcgccccgg agcaggcaga 60
gtgctgtggag ctgctgtctg ccctgggcca gctgcggag gagctgtgcg aggagtctct 120
ggcgccagcc cgcggccggc tggagaagga gctgagaaac ctggaggccg agctggggcc 180
10 ctacactccg gctcccagc tgttagagtt caccgacctt ggaggcagtg gcttcgtggg 240
cggcctctgc caggtggcgg cggcctacca ggagctgttt gcggcccagg gccagcagg 300
tgccgagaag ctggcggcct tcgcccggca gctgggcagc cgctattttg cgctggtgga 360
gcggcggctg gcgcaggagc aggtggttgg tgacaactca ctgctggtgc gggcgctgga 420
ccgtttccac cgcgcttgc ggcctcccgg ggccctgctg gccgctgccg ggctcgaga 480
15 cgctgccacg gagatcgtgg aacgagtggc ccgcgagcgc ctgggccacc acctgcagg 540
tctccgggcg gccttctctg gctgcctgac agacgtccgc caggcgctgg cagcacctcg 600
cgtggctggg aaggaggggc ctggcctggc cgagttgctg gccaatgtgg ccagctccat 660
cctgagccac attaaggcct ctctggcagc agtgacactt ttcaccgcca aagaggtgtc 720
cttctccaac aagccctact tccggggtga gttctgcagt cagggtgtcc gtgagggcct 780
20 catcgtgggc ttctgtccact ctatgtgcca gacggctcag agcttctgcg acagccctgg 840
ggagaagggg ggtgccacac cactgcccct gctcctgctg ctctcccgcg tctgctgga 900
ctacgagacg gccaccatct cctacatcct cactctcact gatgaacagt ttctggtgca 960
ggatcagttc ccagtgcgc cctgagcac gctgtgtgca gaggccaggg aaacggcgcg1020
gcggctgctg acccactacg tgaaggtgca gggcctggtc atatcacaga tgctgcgca1080
25 gagcgtggag actcgcgact ggctcagcac tctggagccc cggaatgtgc gggccgtcat1140
gaagcgggtg gtggaggata ccaccgccat cgacgtgcag gtggggctcc tgtacgaaga1200
gggtgttcgc aaggcccaga gcagcgactc cagcaagagg actttctccg tgtacagcag1260
ctctcggcag cagggccgct acgccccag ctatacccc agtgccccga tggacacca1320
cctcttgagc aatatccaga agctattctc tgaacgtatt gatgtgttca gccctgtgga1380
30 gttcaacaag gtgtcggtgc tgaccggcat catcaagatc agcctgaaga cgcttgctgg1440
gagtgtgtgc gggctgcgaa cctttttggc cctttgcggg cttcaacaag ggg 1493

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 125:

35 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 250 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

45

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

50

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

55 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 125



ccagactgaa ttgtcagtga gcggatctga gggcggtgtg gaggggccag tggggcttgg 60  
 ccgagatgga caaccgatt ccttatgatg actagccggt gggttcttgc ctgcctatga120  
 gaatcctcca gcatggaatc ctccctcatga gagggtagac agccggacta caacgatgag180  
 ttgacccagt tttggcccga accatcacac tgaagaagcc tcctggagtc attgggatta240  
 5 agatcgaggg 250

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 126:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 10 (A) LÄNGE: 1202 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 15 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

### (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- 20 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

### (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

25

### (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

### (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 126

30 tcggggggag cggcgcggcg gcgcgggagt tggttctaaa gagggtgag tcagaagaga 60  
 cgtcaggcag caagcgactt gggccatggc ctctgacctg gacttctcac ctccggaggt 120  
 gcccgagccc actttcctgg agaacctgct acggtagcga ctcttcctgg gagccatctt 180  
 ccagctcacc tgtgtgctgg ccatcatcgt accatttccc aagtccacg aggcggaggg 240  
 35 tgaaccgtct gagcccagaa gtgctgaggt gacgaggaag cccaaggctg ctgttccttc 300  
 tgtgaacaag aggcccaaga aagagactaa gaagaagcgg tagaagagga ggctgagga 360  
 gctgggcggg caggagaggg gtcttgggga cagccctcct gggaatctac attgtgttcc 420  
 cccgatttcc aggtcagggt tctgaggagg ctgtgacgcc ctatgaccgc agagatctag 480  
 acagtcgtaa cagtccccag gctccagctg ggcaatccac cacttctctt tccttctgct 540  
 40 tctgtgacgg ttttagagtca agggggctga aacacactgt gagcatagac tgtattaggt 600  
 ttgttcagaa gccgggtcag ctacacaggt cacattttct tgcttagtca tgtgtccctc 660  
 cttgagttgc cccctccttg tgggtttaca ctacattttg gagtcatgtt ctaatgctga 720  
 caagcacacc ctctccatt atttgtgcac tacagatctc ctgctgatca gtcacctttg 780  
 ttgtgtgtgt gtagacagag ccaggcctca cctgtttggt taggccaaga tgccatggac 840  
 45 atgcagcgtt agtgatccca ctactgtgta cagccaggcc cagaaaatgc ctggcgtgag 900  
 agccagcaga cagccaggcc aggggtaggc agtgctgct tctgctccat cagggtcagg 960  
 ggatttggct gaaggcgtgc atatttcttt ggcacaaact tcctgagcct ctgaaatggg1020  
 aggtcgtca atttcagacc aacctctttt caaccatca tagcacgttc aagggtgtcc1080  
 ttttacttct acctgtacat ccccatccc ttcaattctt tcattccctg accagtgaag1140  
 50 gggttcctgg gggaagtatg gtgaataaac tgacatgcat gcttcagaaa aaaaaaaaaa1200  
 aa 1202

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 127:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 55 (A) LÄNGE: 1014 Basenpaare

- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

10 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

15

- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 127

20

```

cccttttttt ttctttttga gatgggggga aagtcctagc aaaaggcagg agttagcatt 60
ttcctttaac aagactttct aatgctaaac aaagaccaac ttctttttaa aggggttggt 120
ttggttggtg gtgaaaaata ctgtactgta atgatctgct tggtttttaa gcaaaagaga 180
tcctgacatg tgaaaccaat acaccaaata gccaaagtcca caaatgaaca aaacaagtgc 240
25 ttaaaaaaaaa aattcttctg ctcttatatt tttggaggaa gctgctgatt ttggtgtgca 300
gatttcactt agaaatgggc actttctgag atgctttttc ctacacagaat ctgtagataa 360
actcattaaa agattgtccc atttcaaaat caccaccaag tctagcagca ctgttttttt 420
tttttttagt tttgttttta aaattacaaa ccaagtaaga agtccaacat cctcttccat 480
gaacagcttt gtgacagagc tcctgagtgt gtgcagcccc cactgtgctc tgaatacagt 540
30 ctctgcagct ccagtgtgtc ctcttttcag gaaggaaaagc atattcaata cattcactat 600
ctgtaccccc tggaaacttg acatgctgac gagctattat aagccaactc atccccagct 660
ctcttccggg actggtcacc ccttgtaaaa ccattctgta taagttctct ttgaaatttc 720
tgatcttgag cagcatattc agaaagtcca gattccaccg ccggaggagg aatgtttgga 780
ataaatttag aaaatagagt tggagccatc tgaaccactc ctggctctgag ggtatacagg 840
35 cctttcacia tatttgccat agttgaaggt gtgacctgaa atgggtgttg ctgggcttct 900
aaaagtaaaag gcattaggcc gtaaagtgtc ttttctgcaa catgttccgt aaacagcttt 960
ataagggcac ctttaagccc gggttaagctg gtccatggga acctatcggt tttg 1014

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 128:

40

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
- (A) LÄNGE: 1171 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- 45 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

50 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

5 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 128

```

10 caccaaatta atcagggttta cagacaggggt cccaccggta ttcacattct tgtagtgat 60
 cagatgggttc agaattttca agatgagagt tgttttttat tctccacagt aaaagctgaa 120
 agtagtgatg gcatccacat aattttgaaa tgatgtctta tatagactga actgtattca 180
 gtaccaaata gtcacgctta aaagtgtgtg aagactgaat ccaagaagtc ttgggattgg 240
 attttaccat atgaaatgtt tcatattgaa aacacaagat gacctttcta atgagctgta 300
 tgagaggtga atctcctcac tgtcactgcc atagccaagc atcctcatga gagtgagcac 360
15 atcggcacag catgcatcca gctctggagg ccacggtgca ggcatagctg cctgctgctc 420
 tggcagaggc cagtaaatac agttcctaga agcagccttt gctgtctttt tacactgtat 480
 gcggttttga aatgaatgta gaaacttact gtgggcattt acctttctgt gccagtttgg 540
 cttttattgc ctgaacctta tgctgacctg gagaggagat gggggacagt gctgttgtgg 600
 ggccagcagt gaactgttat gcggagagtt gtgttggtct gatgtggccg ttggtggtca 660
20 ggtaagaggc tcggcacctt cttggaagaa atcatgtctg aggggtgtacg tttgatatga 720
 tcatgccaga ttggagaaga tccaagccag gaagatgggc ttgaagcaaa ctgcattatc 780
 aggagtacct tggtgagagg atcagtgtaa atcctaatag gtacaaagac ttttgtgttt 840
 tggctttgtc acagatttat tgaaaaactt ttttgcttct gcttccattt ttagcatttt 900
 agttttctgt tttcattttt ggagattcct tgccttttaa actcgtgggt tttctctcat 960
25 tttcttccct ctctccctcc atctctgacc acccccacc taacccccca ccccaccat1020
 cctattaaac atttttaaag ccctacccca gacattggga aataggtgga cccaagtagg1080
 gggggaggaa agtattgatt tgtttgata ggcttggtga ttaggggtgtt aaggggttct1140
 tggattatgg aacaaggtgg aattttttt g 1171

```

30 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 129:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 353 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

35 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

40

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

45 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

50 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 129

```

55 ggccgggacg cagggcaaag cgagccatgg ctgtctacgt cgggatgctg cgcctgggga 60
 ggctgtgctg cgggagctcg ggggtgctgg gggccgggc cgccctctct cggagttggc120
 aggaagccag gttgcagggt gtccgcttcc tcagttccag agaggtggat cgcatgggtct180

```

ccacgcccac cggaggcctc agctacgttc aggggtgcac caaaaagcat cttaacagca240  
 agactgtggg ccagtgcctg gagaccacag cacagaggtt cccagaacga gaggccttgg300  
 tcgtcctcca tgaagacgtc aggttgacct ttgccaact caaggaggag tgg 353

5 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 130:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 10 (A) LÄNGE: 205 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

15

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

20 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- 25 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 130

30 cggtgagcg gccccgcagc caacccccga ggagcggccg gctggcggtc cgctggcgcc 60  
 caggagtgg ggatgtcta caaacccatg cgcccctggc tgcccagcag cccccctgg120  
 tctgccaggc accccctggg gcccggggca ccccggttcc ctgacaggga ggcgtgcgcg180  
 tgccgcgtgc ggggctgcag tgtcc 205

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 131:

35

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 40 (A) LÄNGE: 211 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

45 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- 50 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 131

5 aaatcacctt acaaccatt tctcagaaca tggttctatt gttaaacaac acacaactat 60  
 tttatttatg tggtttatgt atgcctgac accaatatca ataactgaaa cacagcagtt120  
 tagtaataat ttaatacaca ccataacctg cctattgaga atggcattat atttgttttc180  
 attgtagtgg ctccatccaa aataaaatga t 211

10 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 132:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 867 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

15 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

20

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

25 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

30 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 132

35 gtcttcccaa gatggagatg ctaacgaaac tgagaagggg gcgtatgttt gacgaagggt 60  
 tgtgcaagtc aggcccttct ggaacacagc agggcctaca acgagggggc tttgcgatgg120  
 gctgtgagga tgggggtggt gggaagaatt ggccacgtta gagaccccat gccacccac180  
 catggtgagt gctctgtgcc tcctgctcac ctgtggtgag tggcgagct gggcgagctg240  
 ggcgagctgg gctggggaga gcctgtgagg accgagagga gaaatgagaa gaaggaaaca300  
 aaatattatt tctatgtaat ttatatTTTA cttatgccaa attatttatg ataatttgcc360  
 40 attgctatac tgtaccagtg tcaaattgtg cagcctgcca agctgtgatt ttgtgaggct420  
 tgtccctatg taggatgcac cgcaggcccc tggccactga aagagtgtgc agtggactgt480  
 ggggtctcca tatgcggtgc cgcccaaagg tggctttgcc tcaagcaacc taccctgatg540  
 ttttactcat tggaatgttt ttccccgatt gtggatgact tcttttctga tggagagagt600  
 ccaggaggga tggaaaacgc ctggatttaa gctcagcatc cccacatgg gcttttcgat660  
 45 catcttcagg cctgaagctg cacgacctga agttcgctg catttatcag cctctttgt720  
 gctgctcctt gccacctgg ggttcctgct ggggacccatg tgtggttggt gcatgtgtga780  
 gcagaaggga ggatgaggaa aaaagagaag gaaacccccg ttagtgacaa gtgttttttt840  
 gaggttgccag gttttgccat cattaata 867

50 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 133:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 257 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

55 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

5

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

10

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

15

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 133

20

```
aattcagact cccattctta acttggcatt tttgtagctt acaggaacca gcttgggtga 60
ccttctctta tgagatgcag ctggaaagcc atttatgcaa gaggtgggtt cacttttgtc120
gctcctccat tcattgacct ttcagccttt aaaaaattag aatgtgaaa ttagtagcaal80
agagtgcaga gatattagct taagggataa ataaatgaaa gtagcaagta gctcattatt240
tatgaagagt aataatt 257
```

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 134:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 204 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

30

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

35

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

40

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

45

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 134

50

```
gactggctca tggcctctgt aaatggctgc tggcgggact gtctgcctag cgggtgccct 60
tggaacctag cccttgggtgg gttttgagga aatgattcct gaatgaggag tcgattgccg120
tgtgaagggc tgggtggcacg gcacccgcgt gagctacgcg tgccctcagt gcgcttctgg180
attgactggc catgggtgct caca 204
```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 135:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 5 (A) LÄNGE: 245 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

- 10 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

15 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

## 20 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 135

25 ttgcaccatg gtaaacgtgg ataatacagt atcatttttg agcagttttt taaatgtaaa 60  
tctgtatctt actcagagtg tgtgtctgaa gttattaagg acatttccca acgttactgg120  
cccattttccc tttgtaatca gaggaattct gtttcaagat tattgtttgtg tgtgatctgt180  
ggctcttgat cagaatgaag ttaaattggc acaggaggat taagctatga ggttggcatt240  
tttca 245

30

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 136:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 35 (A) LÄNGE: 1637 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

- 40 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

45 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

## 50 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 136

```

5 ggggagggac gagtatggaa ccctgaaggt agcaagtcca ggcactggcc tgaccatccg 60
 gctccctggg caccaagtcc caggcaggag cagctgtttt ccatcccttc ccagacaagc 120
 tctattttta tcacaatgac ctttagagag gtctcccagg ccagctcaag gtgtcccact 180
 atccccctctg gaggggaagag gcaggaaaat tctccccggg tccctgtcat gctactttct 240
 ccatcccagt tcagactgtc caggacatct tatctgcagc cataagagaa ttataaggca 300
 gtgatttccc ttaggcccag gacttgggcc tccagctcat ctgttccttc tggggccatt 360
 catggcagggt tctgggctca aagctgaact ggggagagaa gagatacaga gctacccatgt 420
10 gactttacct gattgccctc agtttggggt tgcttattgg gaaagagaga gacaaagagt 480
 tacttgttac gggaaatatg aaaagcatgg ccaggatgca tagaggagat tctagcaggg 540
 gacaggattg gctcagatga cccctgaggg ctcttccagt cttgaaatgc attccatgat 600
 attaggaagt cgggggtggg tgggtggtgg gggctagtgg ggtttgaatt tagggggccga 660
 tgagcttggg tacgtgagca ggtgtttaag ttagggtctg cctgtatttc tgggtcccctt 720
15 ggaaatgtcc ccttcttcag tgtcagacct cagtcccagt gtccatatcg tgcccagaaa 780
 agtagacatt atcctgcccc atcccttccc cagtgcactc tgacctagct agtgcctggt 840
 gcccagtgc ctgggggagc ctggctgcag gccctcactg gttccctaaa ccttgggtggc 900
 tgtgattcag gtccccaggg gggactcagg gaggaatatg gctgagttct gtagtttcca 960
 gagttggctg gtagagcctt ctgagagttc agaataatag cttcaggatc agctgggggt 1020
20 atggaattgg ctgaggatca aacgtatgta ggtgaaagga taccaggatg ttgctaaagg 1080
 tgagggacag tttgggtttg ggacttacca ggggtgatgtt agatctggaa cccccaagt 1140
 aggtctggagg gagttaaggt cagtatggaa gatagggttg ggacagggtg ctttggaatg 1200
 aaagagtgc cttagagggc tccttgggcc tcaggaatgc tcctgctgct gtgaagatga 1260
 gaaggtgctc ttactcagtt aatgatgagt gactatattt accaaagccc ctacctgtg 1320
25 ctgggtccct tgtagcacag gagactgggg ctaaggggccc ctcccaggga agggacacca 1380
 tcaggcctct ggctgaggca gtagcataga ggatccattt ctacctgcat tcccagagg 1440
 actagcagga ggcagccttg agaaaccggc agttcccaag ccagcgcctg gctgttctct 1500
 cattgtcact gccctctccc caacctctcc tctaaccac tagagattgc ctgtgtcctg 1560
 cctcttgctt cttgtagaat gcagctctgg ccctcaataa atgcttctct cattcatctg 1620
30 caaaaaaaaa aattttc 1637

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 137:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
- 35 (A) LÄNGE: 260 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear
- 40 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 45 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:
- 50 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 137

```

55 aaaagcatag ctactctgt aataggctat ttcatgatt tcaagtgggt ttatgaagaa 60
 acagaaaagca gtgatgatgt tgaagtgcgt actctcaaga aattcaaagg agacctggcc 120

```



tacagacgac aagagtatca ggtagaattc aacatatggt gcttgaagtg ggctcttggt180  
 ttatcagtta tggcatatgt aaataacagt gtaccaagtt agtgtggtgt ttatgaagat240  
 gagtttaatc ttttgtgatg 260

5 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 138:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 10 (A) LÄNGE: 957 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

15

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

20

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

25

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 138

30 ggggaatttg tcttttgaaa gcttgtgcaa cctctacaac tggcgataca agaacttagg 60  
 aaacttacc catgtgcagc tcttgccaga gtttagtaca gcaaatgctg gcttactgta120  
 tgacttccag ctcatatg ttgaagattt tcaaggagtg ggagaatctg aacctaatcc180  
 ttacttctat cagaatcttg gagaggcaga atatgtagta gcacttttta tgtacatgtg240  
 tttacttggt taccctgctg acaaaatcag tattctaaca acatataatg gccaaaagca300  
 tcttattcgc gacatcatca atagacgatg tggaaacaat ccattgattg gaagaccaa360  
 35 caaggtgaca actgttgata gatttcaagg tcaacagaat gactatattc ttctttctct420  
 ggtacgaacc agggcagtgg gccatctgag ggatgtccgt cgcttggttag tggccatgtc480  
 tagagccaga cttggacttt atatcttcgc cagagtatcc ctcttccaaa actgttttga540  
 actgactcca gctttcagtc agctcacagc tcgccccctt catttgcata taattccaac600  
 agaacccttc ccaactacta gaaagaatgg agagagacca tctcatgaag tacaataat660  
 40 aaaaaatag ccccatgatg caaactttgt atacaacatg tacatgcatt tgatacagac720  
 tacacatcat tatcatcaga ctttattaca actaccacct gctatggttag aagaggggtga780  
 ggaagttcaa aatcaagaaa cagagttgga aacagaagaa gaggccatga ctgttcaagc840  
 tgacatcata ccaggtccaa cagacaccag ctgccgtcaa gaaactccag cctttgagcg900  
 tgagagccgc cccggtgggg aaggggcaat tgcgttgggg gggcttgggt gtttttt 957

45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 139:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 50 (A) LÄNGE: 760 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

55

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

10

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 139

```

15 gtggaataca atagatatta atttgtgggt gggttttctg cctgctttaa atgaaatgta 60
 ttatgtttct gggttccttt tttagctgta aaaatacttc gtcactaaag catgaaattt120
 aatcagcagt tgttcttcaa gttcctgaaa gctataaaaag tttctcatga cttgagtgg180
 tttttccctg cccaaccagag gagaaagccc ttgtagaatt ctgcagtgtt acaagtgttc240
 cctacaaaaa ctgaaaccat cagctcctct ttaacaagtt ggctttttaa aagcacgtaa300
20 ttacaattta atgggtattct gtaaagtggg gctctaggca taatttaa at tctttttaat360
 gactatattt cttcaaaact ttgaaagaaa aatgtgttct ttttgctgca tcctttgtaa420
 gaagactgcc aacagaggaa aaaggacttt acaaattaag accatcttgg tttcatttcc480
 acaaagatga gaacaaatca tgggtgtagg aaaggatcct tagaagaaca caagaatttg540
 aaagcccttg gtggttatca ctactatatt tcatatttcc acagaagtga cttagccaag600
25 ctctgcattt tgagcctgct gactttcatt taaaaggaaat gaaaggctga aaatccaggc660
 tgctgtgtct gtagataaag gtcaaaccat gtttgagttc ttcactgttg tgtccacct720
 aataaaactg agtaagtaat gaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 760

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 140:

30

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 280 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

35

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

40

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

45

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 140

```

aggaaccctc cggcctagaa gttcagatgt cttgccaata tatctgtgct tcacaacttg 60
cctactctct ctgacccta acattttcac atacttttcc aattctgcct gtcataaatt120

```

```

tgctgcttcc ccctaagtag aatgttgatt cctgtcaaac acacagccta gccctgattc180
ctcctcttct ctcaagcagt gatattgtca acaatgataa acaactacta tgtactgagt240
gtttttttat gtgctgctca cactttatac acatgtatag 280

```

5 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 142:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 10 (A) LÄNGE: 461 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

15

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

20 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- 25 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 142

30 gcggccgctc gaggaagca cccgccggtt ggccgaagtc cacgaagccg ccctctgcta 60  
 gggaaaaccc ctggttctcc atgccacacc tctctccagg tgccctctgc ctcttcaccc120  
 cacaagaagc cttatcctac gtccttctct ccatctatcg gacccagtt tccatcacta180  
 tctccagaga ttagctatt atgcgccgt ctacagggg tgcccgaaga tgacgggtgcc240  
 ttgcagtc aattactctt cgggtcccaa ggtttgctt tcacgcgctc cattgccccg300  
 gcgtggcagg ccattccaag cccttccggg ctggaactgg tgcggagga gcctcgggtg360  
 35 tatcgtagc cctggtgttg gtgtgcctc actcctctga gctcttctt ctgatcaagc420  
 cctgcttaaa gttaaataaa atagaatgaa tgataccccg g 461

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 143:

40 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 436 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

50

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

5 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 143

```

10 caaagatgtc atgtggccag aatcatcttt tagtctcacc actccacact gatggtcaca 60
 tagaggtgtg agttgggaag ttgttaaata caagagggtt tgagcttctg gagaagagga120
 aaatgtaaaa gtattttttc ctttaagaaa gataaaaagg taagcctaaa ccttggcggc180
 caccgaagtc agctgttacg catgtgtagt taaatttcac tgtaaataatt tcataagggt240
 tcttagaatg gagccagggt gacatcacag cccaactgt accaaaggaa ccatttcatt300
 caaataagcc aacatttcca aagaaacacg aatgtctatg gcagagttaa cataagggtca360
15 gaaaatcctc tggaagaaat ttcggtatca atgtttataa tctctgcatt taggggtttg420
 ccagtttggg caaaaaa 436

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 144:

20 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 287 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

30

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

35

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 144

```

 ctttaaagta gggctgtgga agggggatat agtagagggg gagagggctg ttttatacac 60
 gtataaatgg tatacaccat ttatacacgg tggtcagaga agctctgac aggtgacgta120
 tgtacagaaa gtcactgtgg cctgagtaga gtcaaggaga aggagcagca agagttgagc180
45 ttagggaggt ggagaagggg tggaatagat caagcaagac cttggccctg gtagggatct240
 gggattttaa gtgagaggac aaccgttggg atgttgtgag cacagaa 287

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 145:

50 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 555 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte parti lle cDNA

5 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

10 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 145

ggcgacgcct cgggtactgac ctctgcagag ccgggtggag cccattgacg tccagcgaac 60  
gaggagcagc gatggacggg cgggtgcagc tgataaaggc cctcctggcc ttgccgatcc120  
20 ggcctgcgac gcgtcgctgg aggaacccga ttccctttcc cgagacgttt gacggcgata180  
ccgaccgact cccggaggtt atcgtgcaga cgggtcccta catgttcgtg gacgagaaca240  
cgttctccag cgacgccctg aaggtgacgt tcctcatcac ccgcctcaca gggcccgccc300  
tgcagtgggt gatcccctac atcaagaagg agagcccct cctcaatgat taccggggct360  
ttctggccga gatgaagcga gtctttggat gggaggagga cgaggacttc taggccggga420  
25 gaccctcggg cctggggggc ggtgctctgg ggagggtccg ctgtgttact ggccgccc480  
agggtcgcca ccggcgccct ccctccgcga gtccctcccc ctcgaaaccg ccgcgaagtc540  
ccctgcggtg ctgtt 555

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 146:

30

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1790 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

35

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

40 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

45 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 146

agtgagaaag cagggactct tcggcctagg cagccgggac ccagccagcc ctgcgcctcg 60  
cgccgtcgcg catgcgtcct ggtctttctc tagagttgta tatatagaac atcctggagt 120

```

ccaccatgaa cggacagttg gatctaagtg ggaagctaatt catcaaagct caacttgggg 180
aggatattcg gcgaattcct attcataatg aagatattac ttatgatgaa ttagtgctaa 240
tgatgcaacg agtttttcaga ggaaaacttc tgagtaatga tgaagtaaca ataaagtata 300
aagatgaaga tggagatctt ataacaattt ttgatagttc tgacctttcc tttgcaattc 360
5 agtgcagtag gatactgaaa ctgacattat ttgttaatgg ccagccaaga ccccttgaat 420
caagtcaggt gaaatatctc cgctcgagaac tgatagaact tcgaaataaa gtgaatcggt 480
tattggatag cttggaacca cctggagaac caggaccttc caccaatatt cctgaaaatg 540
atactgtgga tggtagggaa gaaaagtctg cttctgattc ttctggaaaa cagtctactc 600
aggttatggc agcaagtatg tctgcttttg atccttttaa aaaccaagat gaaatcaata 660
10 aaaatgttat gtcagcggtt ggcttaacag atgatcaggt ttcagggccca cccagtgtc 720
ctgcagaaga tcgttcagga acaccogaca gcattgcttc ctctctctca gcagctcacc 780
caccaggcgt tcagccacag cagccaccat atacaggagc tcagactcaa gcaggtcaga 840
ttgaaggcca gatgtaccaa cagtaccagc aacaggccgg ctatggtgca cagcagccgc 900
aggctccacc tcagcagcct caacagtatg gtattcagta ttcagcaagc tatagtcagc 960
15 agactggacc tcaacaacct cagcagttcc agggatatgg ccagcaacca acttcccagg 1020
caccagctcc tgccttttct ggctcagctc aacaactgcc tgctcagccg ccacagcagt 1080
accaggcgag caattatcct gcacaaactt aactgccc aacttctcag cctactaatt 1140
atactgtggc tcctgcctct caacctggaa tggctccaag ccaacctggg gcctatcaac 1200
caagaccagg ttttacttca ctctctggaa gtaccatgac ccctcctcca agtgggcta 1260
20 atccttatgc gcgtaaccgt cctccctttg gtcagggtta taccacaact ggacctgtt 1320
atcgataagg aggtcctct acaccaatta atgtagctgc tagctattgg cctcccaaaa 1380
gactccagta ctattttaat ttgtattgaa gaagttcaga aatttaaaag cagagcattt 1440
tttatgatat cattgttggg gttaattgaa agtataattt gctggaacac aaagaccaa 1500
atgaaagttt tttcctccct gcttaaaaaat gtagcagctt cttagttact ttggaacact 1560
25 actcttacat gtataaagt attgacttga ctttctagct tcccttgctc ggaggatatt 1620
aaaatgcttg ggtgaggttt agccatctta cttggctttt tactattaac atgatgtact 1680
aaagtagagc cctttgagaa tacaagatat tatgtataaa atgtaacact gatgataggt 1740
taataaagat gattgaatcc aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaca 1790

```

30 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 147:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
 (A) LÄNGE: 2357 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 35 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

- 40 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- (iii) ANTI-SENSE: NEIN

- 45 (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
 50 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 147

```

ctcgagccga atcggtcga gcgcagacct gcagcgggca aagagctccc gaggaagcac 60
55 agcttgggtc aggttcttgc ctttcttaat gttagagaca gctaccggaa ggagggaac 120
aaggagttct ctccgcagc ccctttcccc acgcccaccc ccagctctca gggacccttg 180
cctgcctcct aggtggaag ccatggtccc gaagtgtagg gcaagggtgc ctcaggacct 240

```

```

tttgggtcttc agcctccctc agccccccagg atctgggtta ggtggccgct cctccctgct 300
cctcatggga agatgtctca gagcctcca tgacctccc tcccagccc aatgccaagt 360
ggacttggag ctgcacaaag tcagcaggga ccactaaatc tccaagacct ggtgtgcgga 420
ggcaggagca tgtatgtctg cagggtgtctg acacgcaagt gtgtgagtgt gagtgtgaga 480
5 gatggggcgg ggggtgtgtct gtagggtgtct ctgggcctgt gtgtgggtgg ggttatgtga 540
gggtatgaag agctgtcttc ccctgagagt ttctcagaa cccacagtga gaggggagg 600
ctcctggggc agagaagttc cttagggtttt ctttgggaatg aaattcctcc tccccccat 660
ctctgagtag aggaagccca ccaatctgcc ctttgcaagt tgcagggtgg aaggtaagag 720
gttgggtgtgg agttggggct gccatagggt ctgcagcctg ctgggggctaa gcggtggagg 780
10 aaggctctgt cactccaggc atatgtttcc ccactctgt ctggggctac agaatagggt 840
ggcagaagtg tcacctgtg ggtgtctccc tcgggggctc tccccctaga cctccccctc 900
acttacataa agctcccttg aagcaagaaa gaggttccca gggctgcaa actggaagca 960
cagcctcggg gatggggagg gaaagacggg gctatatcca gttcctgtc tctgctcatg1020
gggtggctgtg acaaccctgg cctcacttga ttcatctctg gttttcttgc caccctctg1080
15 gagtcccat cccattttca tcctgagccc aaccaggccc tgccattggc ctcttgtccc1140
ttggcacact tgtaccaca ggtgaggggc aggacctgaa ggtattggcc tgttcaaca1200
tcagtcatca tgggtgtttt tgtcaactgc ttgttaattg atttgggat gtttgccc1260
aatgagaggt tgaggaaaag actgtgggtg gggaggccct gcctgacca tcccttttcc1320
tttctggccc cagcctaggt ggaggcaagt ggaatatctt atattggcg atttggggc1380
20 tcggggaggc agagaatctc ttgggagtct tgggtggcgc tgggtgcattc tgtttcctct1440
tgatctcaaa gcacaatgtg gatttgggga ccaaaggta gggacacatc cccttagagg1500
acctgagttt gggagagtgg tgagtggaa gggagagcag caagaagcag cctgttttca1560
ctcagcttaa ttctccttcc cagataaggc aagccagtca tggaatcttg ctgcaggccc1620
tccctctact cttcctgtcc taaaaatagg ggccgtttc ttacacacc ccagagagag1680
25 gagggactgt cacactggtg ctgagtgacc ggggctgtgt gggcgtctgt tctttacca1740
aaccatccat ccctagaaga gcacagagcc ctgaggggct gggctgggct gggctgagcc1800
cctggctctc tctacagttc acagaggctt ttcagctcat ttaatcccag gaaagaggca1860
tcaaagctag aatgtgaata taacttttgt ggaccaatac taagaataac agaagccca1920
gtggtgagga aagtgcgttc tcccagcact gcctcctgtt ttctccctct catgtccctc1980
30 cagggaaaat gactttattg cttaatttct gcctttcccc cctcacacat gcacttttg2040
gccttttttt atagctggaa aaaacaaaat accaccctac aaacctgtat taaaaagaa2100
acagaaatga ccacgtgaaa tttgcctctg tccaaacatt tcatccgtgt gtatgtgtat2160
gtgtgtgagt gtgtgaagcc gccagttcat ctttttataat ggggtgtgtg tctcattttg2220
gtctgttttg gtcccctccc tcgtgggctt gtgtcggca ccaaagagaa aaacgttttg2280
35 ggggcttgta atttatcctg aaaaatttaa ctttgagcga aaagggggag tgttttaccg2340
tgggggggta aaataaa 2357

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 148:

### 40 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 907 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

45

### (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

### (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

50

### (iii) ANTI-SENSE: NEIN

### (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

55

### (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 148

```

5 gttcattgtc tggcaccaag ctcccttgggg tgaattttct tccaaaagag tccggggagt 60
 ccaggtccctt cttcctggtt actcataacg cggcccccatt tctcactccc attgggcgctc 120
 gggtttctag agaagccaat cagtgtcgcc gcagttccca ggttctaaag tcccacgcac 180
 cccgcgggac tcatattttt cccagacgcg gaggttgggg tcatggcgcc ccgaagctc 240
 ctctgctgc tctcaggggc cctggccctg accgatactt gggcgggtga gtgcggggtc 300
 cagagagaaa cggcctctgt ggggaggagt gaggggcccg cccggtgggg gcgcaggact 360
10 caggagccg cgcccggagg agggctctggc gggctctcagc ccctcctcgc cccaggtc 420
 ccactccttg aggtatttca gcaccgctgt gtcgcggccc ggccgcgggg agccccgcta 480
 catcgccgtg gagtacgtag acgacacgca attcctgcgg ttcgacagcg acgccgcgat 540
 tccgaggatg gagccgcggg agccgtgggt ggagcaagag gggccgcagt attgggagt 600
 gaccacaggg tacgccaagg ccaacgcaca gactgaccga gtggccctga ggaacctgct 660
15 ccgcccgtac aaccagagcg aggttgggtga gtgaacccg ccgggggccc aggtcacgag 720
 cccccccat ccggcacggg accgcccggg tccttcagag ttccgggtgc gaaatgtacc 780
 ccgaggaggg ggaggcgtt gattgctgga gtggatactg ggggggtttt acgcaggttc 840
 atttcagtt taggccaaaa tccccgcggg ttgggcgggg atgggggggg gttaggtggg 900
 cgggggtt
20

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 149:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1987 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

## (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

## (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

## (iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 149

```

45 aggaggcgtg gggggggggg cgggggagtc aggggaagagc accatcgtca agcagatgaa 60
 gatcatccac gaggatggct actccgagga ggaatgccgg cagtaccggg cggttgtcta 120
 cagcaacacc atccagtcca tcatggccat tgtcaaagcc atgggcaacc tgcagatcga 180
 ctttgccgac ccctccagag cggacgacgc caggcagcta tttgcaactgt cctgcaccgc 240
 cgaggagcaa ggcgtgctcc ctgatgacct gtccggcgctc atccggaggc tctgggctga 300
50 ccattggttg caggcctgct ttggccgctc aagggaatac cagctcaacg actcagctgc 360
 ctactacctg aacgacctgg agcgtattgc acagagtga tacaaccca cacagcaaga 420
 tgtgctacgg accgcgctaa agaccacggg gatcggtggg acacacttca ccttcaagga 480
 cctacacttc aagatgtttg atgtgggttg tcagcggtct gagcggaaga agtggatcca 540
 ctgctttgag ggcgtcacag ccatcatctt ctgcgtagct tgagcgcta tgacttgggtg 600
55 ctgactgagg acgaggagat gaaccgcagt catgagagca tgaagctatt cgatagcatc 660
 tgcaacaaca agtggttcac agacacgtcc atcatcctct tcctcaacaa gaaggacctg 720
 tttgaggaga agatcacaca cagtcacctg accatctgct tccttgagta cacaggggcc 780

```



```

aacaatatg atgaggcagc cagctacatc cagagtaagt ttgaggacct gaataagcgc 840
aaagacacca aggagatcta cacgcacttc acgtgcgcca ccgacaccaa gaacgtgcag 900
ttcgtgtttg acgccgtcac cgatgtcatc atcaagaaca acctgaagga ctgcggcctc 960
ttctgagggg cagcggggcc tggcgggatg ggccaccgcc gactttgtac cccccaacct 1020
5 ctgaggaaga tgggggcaag aagatcacgc tccccgcctg tcccccgcc gcttttctcc 1080
tctttctctt ctttgttctc agtccccctt gtccccctcag ctccagacgt aggggagggg 1140
ttgccacagg cctccctgtt tgaagcctgc ccttgtctga gatgctggtg atggccatgg 1200
taccctcttc tgggcatctg ttctggtttt taaccattgt cttgttctgt gatgagggga 1260
ggggggcaca tgctgagtct cccaaggttg cgtctggagg ggcccctgct tctccagcct 1320
10 ggacccccag ctttgcccaa caccagcccc tgccccagcc caagtccaaa tgtttacagg 1380
gagcctcctg cccagtcctc caacccagc cgctcggagg ccccaaagga aaaagcaca 1440
gaagcgtgag acgccaccat tcttggaac cacagtccac ctgctcattc tcgtagcttt 1500
ttaaaaaaat gaaagtaaa gaaaaaaa aaactgcaa tctagaaaac tttttagaga 1560
aaaactattt aaaactgtc gatcctgacc agcaagcgcc cccccagcc cccttccaag 1620
15 tgactccgtg ccttgagtgt gtctgcgtgt ttaccaccgt ccttctgtgt gccgccccg 1680
tgcgagcggc acccctgccc tgccctccac agaattgggt tccaagggtt gttccagaca 1740
actgccaacg tctactgagg ccctgcccc gcgcccttg cccaggtctc tattaacct 1800
aatgtagct ccctagcgt aacctaggaa ccgccgtgc ctgctggggg gccacgcccc 1860
tcatgccctt gtcccaggcc cggggccttc agcgttgaac acttccttgc tttttcac 1920
20 tgttttatgg aattgttcac ctggtttgaa ataataaat gtagaaagga aaaaaaaaa 1980
aaaaaa 1987

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 151:

### 25 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2906 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

35

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

40

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

### 45 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 151

```

gtccagaagc aaaaattaag ttcccaagt tttccatgcc caagatcggc atcccaggtg 60
tgaaaatggg ggggtgggga gccgaggtcc atgccagct accctctctt gaaggagact 120
tgagaggacc agatgttaag ctcaaggggc ccgatgtttc tctaaagggg ccaggagtag 180
50 acttgccctc agtgaacctc tctatgccaa aagtctctgg gcctgacctt gatctgaact 240
tgaaaggacc aagtttgaag ggagacctgg atgcatctgt tcccagcatg aaggtgcatg 300
ctccagggtc caacctcagt ggtgtcggtg gcaaaatgca ggtgggagga gacggtgtga 360
aagtgccagg gatcgatgcc acaacaaagc ttaacgttgg ggcaccagat gtgacactga 420
ggggaccaag cctgcaggga gatctggctg tctctggtga catcaaatgc cctaaagtat 480
55 ccgtaggagc tcctgatcta agcttgaggc catccgaagg cagcattaaa cttcccaaaa 540
tgaagctgcc ccaatttggc atctctactc cggggtccga cttgcacgtc aatgccaagg 600
ggccacaggt ttctggcgaa ctgaaggggc caggtgtgga tgtgaacctg aaagggcctc 660

```

```

ggatttcagc accgaatgtg gactttaact tggaggagacc aaaagtgaaa gggagccttg 720
gggccactgg tgagatcaaa ggccccactg tcggaggagg tcttccaggc attggtgttc 780
aaggcctaga aggaacacctc cagatgcctg gaattaagtc ctctggatgt gatgtgaacc 840
tgccaggcgt gaatgtgaaa ctcccaactg ggagatttc tgggcctgaa atcaaagggtg 900
5 gtctgaaagg ttcagaagta ggtttccatg gggtgctcc tgatatcagt gtgaaggggc 960
ctgcctttta tatggcatct cctgagtcag attttggcat caacttgaag ggcccaaaa1020
tcaaaggagg tgccgatgtt tcaggggggtg tcaagtgcctc agacatcagc cttggtgaa1080
ggcattttgag tgttaaagggt tccgggggtg agtggagggtg accccaagtc tctctgctc1140
tcaacttgga cacatctaag tttgctgggg gccttcattt ctcaggacca aagggtgaa1200
10 gaggtgtgaa aggaggtcag attggactcc aggtcctctg gctgagtgtg tctgggcctc1260
aaggtcactt ggaaagtggg tctggaaaag taacattccc taaaatgaag atcccaaat1320
ttaccttctc tggccgtgag ctggttggca gagaaatggg ggtggatgtt cacttccctc1380
aagcagaggc cagcatccaa gctggtgctg gagacggcga gtgggaagag tctgaagtca1440
aactgaaaaa gtccaagatc aaaatgcccc agtttaattt ttccaaacct aaagggaag1500
15 gtggtgtcac tggtcaccca gaagcatcaa tttctgggtc caaagggtgac ctgaaaagt1560
caaaggccag cctgggctct ctggaaggag aggcagaggc cgaagcctct tcaccgaaag1620
gcaaattctc cttattttaa agtaagaagc cacggcaccg ctcaaattca ttcagtgtg1680
aaagagagtt ctctggacct tccaccccca cggggacgct ggagtttgaa ggtggggaag1740
tgtctctgga aggtgggaaa gttaaaggga aacacgggaa gctgaaattc ggtacctttg1800
20 gtggattggg gtcaaagagc aaaggtcatt atgaggtgac tgggagcgat gatgagacag1860
gcaagtttaca ggggagtggt gtgtccctgg ccttaagaa gtcccgaactg tctcctctt1920
ctagcaatga cagtgggaat aaggttggca tccagcttcc cgaggtggag ctgtcagttt1980
ccacaaagaa agagtagcag gcctttgtag aacaaaacat cagccttggg tgggtgtgtc2040
ctatataaac tccaaaggga aacacaccga ctgcctcagc aatcatgcaa agaccttgcc2100
25 tggcccgggtg gcaagcgctg aaaaaccgac cgctgtagg ctccctggac tatacagata2160
ggtaaagagt tccaagttcg tccagcccat gtgcaaagtc aacagtattt gccttaagat2220
ttcatatata tatatttttt tgcattgact gctgagagct cctgtttact aagcaagctt2280
ttgtgtttat tatcctcatt tttactgaac attgttagtt ttggggtaat ggaaaccac2340
tttttcattg taatgacttt gggggctttt gttagtaagg gtgggtgggg tgatgggttg2400
30 cagacggagg tcagggtctc ctctttcctg agactggatc tgttcaaaca gcaaaccgcc2460
acagatggcc cagaggtggg gtagtcagg gtgtgtgggt gtttttaggg ttcttttagt2520
ttgtttcttt caccagggg tgggtgtccc agccagtttg gtgctgacgg tgagagggaa2580
ttagaatctg tttgcaaatt gtccaacca cccctcaac atgaggggct tccattttct2640
gtgttttgta agggaactgt ttccttcatt ccgcatgtt cctgatatta gttctgattt2700
35 ctttttaaca aatgttatca tgattaaaga aatttccagc actttaatgg ccaattaaact2760
gagaatgtaa gaaaattgat gctgtacaag gcaataaag ctgtttatta accttgaaaa2820
aaaaaaaaa aagggaggga ggggggggag gggggagggg gggggggggg aggggggggg2880
agggagggaa agggggggcg gggagg 2906

```

40 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 153:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 45 (A) LÄNGE: 2367 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

50

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

55 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 153

5  
 10  
 15  
 20  
 25  
 30  
 35  
 40  
 45

```

gcctcccgcc cgcgcgctct gtctccctct ctccacaaac tgcccaggag tgagttagctg 60
ctttcgggtcc gccggacaca ccggacagat agacgtgctg acggcccacc accccagccc 120
gccaactagt cagcctgcgc ctggcgctc ccctctccag gtccatccgc catgtggccc 180
ctgtggcgcc tcgtgtctct gctggccctg agccaggccc tgcccttga gcagagaggc 240
ttctgggact tcaccctgga cgatgggcca ttcatgatga acgatgagga agcttcgggc 300
gctgacacct cgggcgtcct ggaccgggac tctgtcacac ccacctacag cgccatgtgt 360
cctttcggct gccactgcc cctgcgggtg gttcagtgt cgcacctggg tctgaagtct 420
gtgcccacaa agatctcccc tgacaccacg ctgctggacc tgcagaacaa cgacatctcc 480
gagctccgca aggatgactt caagggtctc cagcacctct acgccctcgt cctggtgaac 540
aacaagatct ccaagatcca tgagaaggcc ttcagcccac tgcggaagct gcagaagctc 600
tacatctcca agaaccacct ggtggagatc ccgcccacc taccagctc cctggtggag 660
ctccgcatcc acgacaaccg catccgcaag gtgcccagg gagtgttcag tgggctccgg 720
aacatgaact gcatcgagat gggcggggaa ccaactggaga acagtggctt tgaacctgga 780
gccttcgatg gcttgaagct caactacctg cgcattctag aggccaagct gactggcatc 840
cccaagacc tccttgagac cctgaatgaa ctccacctag accacaacaa aatccaggcc 900
atcgaactgg aggacctgct tcgtactctc aagctgtaca ggctgggctt aggccacaac 960
cagatcagga tgatcgagaa cgggagcctg agcttcctgc ccacctccg ggagctccac1020
ttggacaaca acaagttggc cagggtgccc tcagggtctc cagacctcaa gctcctccag1080
gtgggtctatc tgcactccaa caacatcacc aaagtgggtg tcaacgactt ctgtcccatg1140
ggcttcgggg tgaagcgggc ctactacaac ggcatcagcc tcttcaacaa ccccggtgcc1200
tactgggagg tgcagccggc cactttccgc tgcgtcactg accgcctggc catccagttt1260
ggcaactaca aaaagtagag gcagctgcag ccaccgcggt gcctcagtgg ggtctctgg1320
ggaacacagc cagacatcct gatggggagg cagagccagg aagctaagcc agggcccagc1380
tgcgtccaac ccagccccc acctcgggtc cctgaccca gctcgatgcc ccatcaccgc1440
ctctccctgg ctccaaggg tgcaggtggg cgcaaggccc ggccccatc acatgttccc1500
ttggcctcag agctgcccct gctctccac cagagccacc cagaggcacc ccatgaagct1560
tttttctcgt tcaactccaa acccaagtgt ccaaggctcc agtcctagga gaacagtccc1620
tgggtcagca gccaggaggc ggtccataag aatggggaca gtgggctctg ccagggtgc1680
cgcacctgtc cagacacaca tgttctgttc ctctctca tgcatttcca gcctttcaac1740
cctccccgac tctgcggctc ccctcagccc ccttgcaagt tcatggcctg tccctccaag1800
accctgctc cactggcctc tcgaccagtc ctccctctg ttctctctt ccccgctcct1860
cctctctctc tctgtgtgtg tgcgtgtgtg gtgtgtgtgt gtgtgtgtgt gtcttgtgt1920
tcctcagacc tttctcgtt ctgagcttg tggcctgttc cctccatctc tccgaacctg1980
gcttcgctg tccctttcac tccacaccct ctggccttct gccttgagct gggactgctt2040
tctgtctgtc cggcctgcac ccagcccctg cccacaaaac cccagggaca gcggtctccc2100
cagcctgccc tgcctcaggc ttgcccacaa acctgtactg tcccggagga ggttgggagg2160
tggaggccca gcatcccgcg cagatgacac catcaaccgc cagagtccca gacaccggtt2220
ttcctagaag cccctcacc ccaactggccc actggtggct aggtctcccc ttatccttct2280
ggtccagcgc aaggaggggc tgcttctgag gtcggtggct gtctttccat taaagaaaca2340
ccgtgcaacg tgaaaaaaaa aaaaaaa 2367

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 154:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 50 (A) LÄNGE: 1314 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 55 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

## (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

5

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 154

cacacacctg cacatactca tgcattgcaca tgtacacacg cagtcacaca tgcactcacg 60  
 cagttgcaca cacacgcatg ctcaactcca cactgtgtgc actcaggtgg ctgtgttgga 120  
 cagttggggc cagggtccc ctgctgtcct gtggggccgg catctgctct ccttctttct 180  
 15 cccaggtac ttctactccc gaaggattga catcacctg tcgtcagtca agtgcctcca 240  
 caagctggcc tctgcctatg gggccaggca gctgcagggc tactgcgcaa gcctctttgc 300  
 catcctctc cccagggacc cctcgttcca gatgcccctg gacctgtatg cctatgcagt 360  
 ggccacaggg gacgccctgc tggagaagct ctgcctacag ttctggcct ggaacttcga 420  
 ggcttgacg caggccgagg cctggcccag tgtcccaca gacctgctcc aactgctgct 480  
 20 gcccaggagc gacctggcgg tgcccagcga gctggcccta ctgaaggccg tggacacctg 540  
 gagctggggg gagcgtgcct cccatgagga ggtggagggc ttggtggaga agatccgctt 600  
 ccccatgatg ctccctgagg agctctttga gctgcagttc aacctgtccc tgtactggag 660  
 ccacgaggcc ctgttccaga agaagactct gcaggccctg gaattccaca ctgtgccctt 720  
 ccagttgctg gcccggtaca aaggcctgaa cctcaccgag gatacctaca agccccggat 780  
 25 ttacacctcg cccacctgga gtgcctttgt gacagacagt tcttgagagt cacggaagtc 840  
 acaactggtc tatcagtcca gacgggggcc ttggtcaaa tattcttctg attacttcca 900  
 agccccctc gactacagat actacccta ccagtcctc cagactccac aacaccccag 960  
 ctctctcttc caggacaaga ggtgtcctg gtccttggtc tacctcccca ccatccagag 1020  
 ctgctggaac tacggcttct cctgctcctc ggacgagctc cctgtcctgg gcctcaccaa 1080  
 30 gtctggcggc tcagatcgca ccattgccta cgaaaacaaa gccctgatgc tctgcgaagg 1140  
 gctcttcgtg gcagacgtca ccgatttcga gggctggaag gctgcgattc ccagtgcctt 1200  
 ggacaccaac agctcgaaga gaacctctc ctccccctgc cccggcagag cttttcaaac 1260  
 gggctttccg caacgggtca atccgcgcct ttctaacttg acaaacttct tcag 1314

35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 155:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 965 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

40

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

45

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

50

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

55

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 155

```

5 cctcccaaag gaactcccca atactagaac tcatcccaaa ccccttgca cttcaacaaat 60
 taacgaaccc attccccaac ccacaatacc ccaccctcca acaacctaaa acaacgactt120
 catgctcccg tgcccaaaaac gcacagacct tcaacctgga cggctccctg atctatgaaa180
 gactcccatc gtcttgca ggtctttcac cagcgtgcgg cagaaaaatcg agaaggagga240
 tgacagtga ggcgaggaga gtgaggagga ggaagagggc gaggaggaag gctccgaatc300
 cgaatctcgg tccgtcaaag tgaagatcaa gcttggccgg aaggagaagg cacaggaccg360
10 gctgaagggc ggccggcggc ggccgagccg agggctccga gccaaagccg tcgtgagtga420
 cgatgacagt gaggaggaac aagaggagga ccgctcagga agtggcagcg aagaagactg480
 agccccgaca ttccagtctc gaccccgagc ccctcgttcc agagctgaga tggcatagga540
 cttagcagta acgggtagca gcagatgtag ttccagactt ggagtaaaac tgtataaaca600
 aaagaatctt ccatatttat acagcagaga agctgtagga ctgtttgtga ctggccctgt660
15 cctggcatca gtagcatctg taacagcatt aactgtctta aagagagaga gagagaattc720
 cgaattgggg aacacacgat acctgttttt cttttccgtt gctggcagta ctgttgccgc780
 gcagtttggg gtccactgtg ttaagtgtgg atgcatgtgc gtcaccgtcc actcctccta840
 ctgtatttta ttggacaggt cagactcgcc gggggcccg cagagggtatg tcagtgtcac900
 tggatgtcaa acagtaataa attaaaccaa caacaaaacg caaaaaaaaa aaaccaagg960
20 cgaga 965

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 156:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
- 25 (A) LÄNGE: 3101 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear
- 30 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 35 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:
- 40 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 156

```

45 ctgcgcggcg acacagggag cagcgagcac gcgtttcccg caaccggata ccatcggaca 60
 ggattttctc gcctcagccc aacggggagg gctagttgca catagtgatt tagatgaaag 120
 agctattgaa gctttaaaag aattcaatga agacggtgca ttggcagttc ttcaacagtt 180
 taaagacagt gatctctctc atgttcagaa caaaagtgcc tttttatgtg gtagtcatgaa 240
50 gacttacagg cagagagaaa aacaagggac caaagtagca gattctagta aaggaccaga 300
 tgaggcaaaa attaaggcac tcttggaag aacaggctac acacttgatg tgaccactgg 360
 acagaggaag tatggaggac cacctccaga ttccgtttat tcaggtcagc agccttctgt 420
 tggcactgag atatttgtgg gaaagatccc aagagatcta tttgaggatg aacttggtcc 480
 attatttgag aaagctggac ctatatggga tcttcgtcta atgatggatc cactcactgg 540
55 tctcaataga gggtatgcgt ttgtcacttt ttgtacaaaa gaagcagctc aggaggctgt 600
 taaactgtat aataatcatg aaattcggtc tggaacacat attggtgtct gcactcagct 660
 tgccaacaat aggcctttttg tgggctctat tcctaagagt aaaaccaagg aacagattct 720

```

```

tgaagaattt agcaaagtaa cagagggtct tacagacgtc attttataacc accaaccgga 780
tgacaagaaa aaaaacagag gcttttgctt tcttgaatat gaagatcaca aaacagctgc 840
ccaggtaaaa gtgctgtttg tacgcaacct tgccaatact gtaacagaag agatttttaga 900
aaaggcattt agtcagtttg ggaaactgga acgagtgaag aagttaaaag attatgcgtt 960
5 cattcatttt gatgagcgag atggtgctgt caaggctatg gaagaaatga atggcaaaga1020
cttggaggga gaaaatattg aaattgtttt tgccaagcca ccagatcaga aaaggaaaga1080
aagaaaagct cagaggcaag cagcaaaaaa tcaaattgat gacgattact actattatgg1140
tccacctcat atgccccctc caacaagagg tcgaggcgct ggaggtagag gtggttatgg1200
atatcctcca gattattatg gatatgaaga ttattatgat tattatggtt atgattacca1260
10 taactatcgt ggtggatatg aagatccata ctatggttat gaagattttc aagttggagc1320
tagaggaagg ggtggtagag gagcaagggg tgctgctcca tccagaggtc gtggggctgc1380
tcctccccgc ggtagagccg gttattcaca gagaggaggt cctggatcag caagaggcgt1440
tcgaggtgcg agaggaggtg cccaacaaca aagaggccgc gggcagggaa aaggggtcga1500
ggcgggtcct gacctgttac aatgaagact gactgtctat gtgggattac accagaagct1560
15 tgcagtggag taatggtaag gaaatcaagc aaccttaaat atgtcggctg tataggagca1620
tattctattg cagaagacct tcctatgaag atcatggaat caaatacggg acattgaact1680
aatacttggg ctttgatatg aatttcttta acaattttct ctgcagtgcg agttattaaa1740
ctaaagctac tctattttca aaatgtgttc caacagaaat ccttcataac tcctagcatg1800
gtatcttaat aaagaataaa gttcttttaa aaatctgctc taagtagatt tttccccctt1860
20 tttaaattaa ggatcccaac agtggatatt tgaaatatc tcttgaattt gtgcatttaa1920
attttattgc agtggatatg atgaatgcca ctgatggtag ccttaaattt tatttctgct1980
caccaagggt aatcatgatt gtctatatct tttttatagt gatcactttt gaattgtgtt2040
cagatatgca gtttcagggtg taatcatcag agctggtagg tcaggcattc cagatagtgg2100
ttcttttcag aaccttttta aaagggttgg ttaactacct cagtagcaga ggattgaact2160
25 ataccctgtc tgtactgtac atagaaaatc tttgtagata aaagcaaggc ttgttaaata2220
tgatatgagg gtaagatttt aatataccaaa atgtaacatt cttagtgtcc tttagtttca2280
gaggcttgta agacttcctc atgaccatca taacaggcct tgcttttgtc gtattttgtg2340
gctgaaaaag cagccttgct tcttcagata ttgtagttat ttggatgtat aatagtttag2400
caagatgtta cttttgtaag acatcagatg ttcaaaaaag tgcattccgaa cttgtactaa2460
30 atactgcagt gtccctttat aaaaagtcag actaaaactg acaattgtac agcgaagcct2520
gacatttgga tattttgaag ttttttcata aatcatagaa attagtatat ggctgtagtt2580
tagcttttta ggtaaaagggt atgtttcatt agtgcatttc ttcctgctga tcaactgtaa2640
catgtgaatc agctttccat ttcttatgca ggtcatgata acttgtagag tagagtacaa2700
tcatttgtgc tatgttttta attttctaaa gcaccttgat gacagtgagt gtccagtggt2760
35 gaagcatcct ctattgaacc accctcaaaa atttttttgc caagtcctaa gttgatagct2820
taaagtaaaa agtgaaaatt atagtttcat taggacttgg tgtaaaagaa tccccctccc2880
ccttcccaa agggatactg cagttatata acatacccaa taggcaccac gatgaagatc2940
agagcttata cttaattaag gttttatata caccagttcc ccagtaaatg caaatttaac3000
aagaaaatca gacatgtcat atgttcaaaa tgctcatggc aaacaatcat tttgcattcc3060
40 tgcaataaaa attgttttat actgtaaaac aaaaaaaaaa a 3101

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 157:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
- 45 (A) LÄNGE: 983 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear
- 50 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 55 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

## (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

5

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 157

10 cgggaggag cggcggtcca gactggggag ggacgcgcac cggccaggag gcttcaagag 60  
 gagggcacta ggccctgcg agcggcgtct taaccggcgg cgctaggact ccgcgggaaa120  
 cggcgggggc ggacgggcgg caccaggacc cagggaacc gcgacgggcg ggcgcgagc180  
 agggccggga gccgggaggt gcgggcggcg gcgctggacc cgacgcggcg agagaggccc240  
 cgagatgccg agcaagaaga agaagtacaa cgcgcggttc ccgccggcgc ggatcaagaa300  
 gatcatgcag acggacgaag agattgggaa ggtggcggcg gcggtgcctg tcatcatctc360  
 ccgggcgctc gagctcttcc tagagtcgct gttgaagaag gcctgccagg tgaccagtc420  
 15 gcggaacgga aagaccatga ccacatccca cctgaagcag tgcacgagc tggagcagca480  
 gtttgacttc ttgaaggacc tgggtggcatc tgtcccgac atgcaggggg acggggaaga540  
 caaccacatg gatggggaca agggcgcccg cagggccgga agccaggcag cggcgccgg600  
 aagaacggtg ggatgggaac gaaaagcaag gacaagaagc tgtccgggac agactcggag660  
 caggaggatg aatctgagga cacagatact gatggggaag aggagacatc acaaccccca720  
 20 cccagggcca gccacccctc tgcccaactt cagagccccc cgacaccctt cctgcccttc780  
 gcctctactc tgcccttgcc ccagcgccc ccgggcccct cagcacctga tgaagaggac840  
 gaagaagatt acgactccta gcgccttctg ccccccagac catagcccct tttagttggt900  
 tttagttgct ctggggggag gagagaaggt agagctgttc ttaaatttat taaaaaaaaa960  
 aataaaaggg aaaaaaaaaa aaa 983

25

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 158:

(A) LÄNGE: 293 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

30

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

## (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35

## (iii) HYPOTHETISCH: ja

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

40 :

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 158:

45 FIDSYRCFQP KQEGAFTCWS AVTGARHLNY GSRLDYTLGD RTLVIDTFQA SFLLEVMGS 60  
 DHCPVGAVALS VSSVPAKQCP PLCTRFLPEF AGTQLKILRF LVPLEQSPVL EQSTLQHNQ120  
 TRVQTCQNK QVRSTRPQPS QVGSSRGQKN LKSYFQSPS CPQASPDIEL PSLPLMSALM180  
 TPKTPEEKAV AKVVKQAKT SEAKDEKELR TSFWKSVLAG PLRTPLCGGH REPCVMRTVK240  
 KPGPNLGRRF YMCARPRGPP TDPSSRCNSS SGAGPAEPME AWGHLAWSPL HMI 293

50

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 159:

(A) LÄNGE: 131 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

55

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 159:

ETLREKQEAA QGRGAGLRSC AGVTMPDVPR PPLVQLGLLQ RKNCTGRRGQ WEDPGAWHTC 60  
RSGGPSWVLA SSQYASHMAP CGPHRGVCAR APPAQTSMR SVTPSHLWLL KSWPAPSPLW120  
15 PLPSLLESSG S 131

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 160:

(A) LÄNGE: 94 Aminosäuren

20

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

30

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 160:

35 KRRPKLGPGF FTVRITHGSL WPPQRGVRKG PASTDFQNEV RNSFSSLASE VLACPFTTLA60  
TAFSSGVFGV MRALISGR LG SSMSGEAWGQ LGEG 94

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 161:

(A) LÄNGE: 136 Aminosäuren

40

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

50

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:



## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 161:

5      LHLAAQRLY LRPVRVGAWA LSLPGERRAE ISNQWSALVT WIPEGREGST VSSAADCCSK 60  
NVFSTSFESP SHGNPSTPTR DPTPAVSRI S STCTSRDPND SCTNEHYGSC SNCLSTHCYV120  
GWKAFGRKKG SSRLKG 136

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 162:

- 10      (A) LÄNGE: 281 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

15      (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 20      (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 162:

25      PGSQKVAKAV PFPQRRTA AV RMSFPPHLNR PPMGIPALPP GIPPPQFPGF PPPVPPGTEM 60  
IPVPM SIMAP APTVLVPTVS MVGKHLGARK DHPGLKAKEN DENC GPTTV FVGNISEKAS120  
DMLIRQLLAK CGLVLSWKRV QGASGKLQAF GFCEYKEPES TLRALRLLD LQIGEKLLV180  
KVDAKTKAQL DEWKAKKKAS NGNARPETVT NDDEEALDEE TKRRDQMIKG AIEVLIREYS240  
30      SELNAPSQES DSHPQEEEEG KEGGHFPQIS SGPTDPLSTH H 281

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 163:

- 35      (A) LÄNGE: 103 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40      (iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

45 :

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 163:

50      CSLVQESLGS LEVQVEEILE TAGVGS LVGV LGFPWEGDSN EVEKTFLLQQ SAAETVLPS 60  
RPSGIQV TSA LHWFEISARR SPGRLSAQAP TRTGRKYSRC AAS 103

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 164:

- (A) LÄNGE: 127 Aminosäuren

- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 1:

15

NISLLDHPGL QSCLYFLFWI LFTNRERYIS AWKWPDVWKL DIWHFGLHSH GYYSHNKDGS 60  
GNSFLDLDP SRYLGIYYIL FCIFLVLWRD SLAIFGLPEY VFCVYSAPVK WFCLVCHNPH120  
GCYMSIS 127

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 165:

- (A) LÄNGE: 382 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

35 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 165:

40 HEVLCCRMALP LQKAKVIRLI KISPEKPITL AVGDGANDVS MIQEAHVIG IMGKEGRQAA 60  
RNSDYAIARF KFLSKLLFVH GHFYIIRIAT LVQYFFYKNV CFITPQFLYQ FYCLFSQQTL120  
YDSVYLTLYN ICFTSLPILI YSLLEQHVDP HVLQNKPTLY RDISKNRLLS IKTFLYWTIL180  
GFSHAFFFF GSYLLIGKDT SLLGNGQMFG NWTFGTLVFT VMVITVTIKM ALETHFWTWI240  
NHLVTWGSII FYFVFSLFYG GILWPFLGSQ NMYFVFIQLL SSGSAWFAII LMVVTCLFLD300  
I IKKVFDRLH HPTSTKAQM YSNTVALSDE FIALQPLSRA RNQLSKLSLL KQMQVSSAWT360  
45 PCAVSRKEKQ RVHLLLECWN EL 382

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 166:

- (A) LÄNGE: 85 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 166:

QELNKHKIHI LGAQKWPENP SIKQGKYKIK YNRSPGNEMV DPSPKMSFQS HLYCDCNNHD60  
CEDQSAKCPV SKHLAISKQR CIFPY 85

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 167:

15

(A) LÄNGE: 496 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 167:

35 RLEKGPLPFQ MPMRLPETQ VLPGEIDETP LSKPGHDLAS MEDKTEKWSS QPEGPLKLKA 60  
SSTDMPQSIS VVNVDQLWED SVLTVKFPKL MVPRESFPAP SSEDVFIPT VREVQCPEAN120  
IDTALCKESP GLWGASILKA GAGVPGEQPV DLNLPLEAPP ISKVRVHIQG AQVESQEVTI180  
HSIVTPEFVD LSVPRTFSTQ IVRESEIPTS EIQTPSYGFS LLKVKIPEPH TQARVYTTMT240  
QHSRTQEGTE EAPIQATPGV DSISGDLQPD TGEPFEMISS SVNVLGQOTL TFEVPSGHQL300  
ADSCSDEEPA EILEFPDDDS QEATTPLADE GRAPKDKPES KKSGLLWFWL PNIGFSSSVD360  
ETGVDSKNDV QRSAPIQTQP EARPEAELPK KQEKAGWFRF PKLGFSSSPT KKSSTEDGA420  
ELEEQKLQEE TITFFDARES FSPEEKEEGE LIGPVGTGLD SRVMVTSAAAR TELILPEQDR480  
40 KADDESKGSG LGPNEG 496

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 168:

45 (A) LÄNGE: 125 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 168:

5

SLPASYWDS KSHLKFLLA TSLQTAVQMR SQKFSLFPL MIAKRQPHHW QMKAGLQKTN 60  
QKVKNLVCSG FGFQTLGFPL LLMRQVLIPK MTSRDLLPFK HSLRHDQRQN CLKNRRRQAG120  
SDFPN 125

10 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 169:

(A) LÄNGE: 130 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

15

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 169:

30

MGADLWTSFL ESTPVSTEE ENPMFGSQNQ SRPDFLLSGL SFGALPSSAS GVVASWLSSG 60  
GNSRISAGSS SEQLSASWWP EGTSNVSVCC PSTLTLEEII SNGSPVSGWR SPEMESTPGV120  
ACMGASSVPS 130

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 170:

(A) LÄNGE: 123 Aminosäuren

35

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

45

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 170:

50

VVYRGVKCFI DKKKKTALAP TYSSSSSSSS SSSSSSSSSS SSSSSSSSSS SSFFFLLESA 60  
LTTFFFAASG FFLARYAAIS FSYSFTSQP SFHKAACHLQ QCYSTSLPVS SQHHQWTGQD120  
VLL 123

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 171:

- (A) LÄNGE: 157 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 171:

KKLYLLRSIQ NVNKTAAIFF LQLQSGIQLT EQQLSSYKLH QRQLKMKKIK PKKKTKRKKK 60  
KKQKTKLPSP YITNLCCAPT RTCFKFPCQF TTPILYQARL VAIENTTRTG LSKDTFGSVL120  
TIQKKTLYSL KTNLTQPYIS IFFFFKRSELC TGGLNAL 157

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 172:

- (A) LÄNGE: 152 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 172:

LNMGKGDPKK PRGKMSSYAF FVQTCREEHK KKHDPASVNF SEFSKKCSER WKTMSAKEKG 60  
KFEDMAKADK ARYEREMKTY IPPKGETKKK FKDPNAPKRP PSAFFLFCSE YRPKIKGEHP120  
GLSIGDVAKK LGEMWNNTAA DDKQPYEKKA AK 152

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 173:

- (A) LÄNGE: 281 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 173:

10 SGSAGPGPRG PRATESGKRM DCPALPPGWK KEEVIRKSGL SAGKSDVYYF SPSGKKFRSK 60  
PQLARYLGNT VDLSSFDFRT GKMMPSKLQK NKQRLRNDPL NQNGKGPLN TTLPIRQTAS120  
IFKQPVTKVT NHPSNVKSD PQRMNEQPRQ LFEWKRLQGL SASDVTEQII KTMELPKGLQ180  
GVGPGSNDDET LLSAVASALH TSSAPITGQV SAAVEKNPAV WLNTSQPLCK AFIVTDEDIR240  
KQEERVQQVR KKLEALMAD ILSRAADTEE MDIEMDSGDE A 281

15 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 174:

(A) LÄNGE: 102 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
20 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

30 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 174:

35 IIDIIYKNTS KKALVSAIKK LYVLGYIFFL TGKSQWKHFC SISRNFLLGK VGRKLDPDHIL 60  
RLHLHCPFFQY PSLLYQQLAT RCLPSVLLPI SCVLAVLALP VS 102

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 175:

(A) LÄNGE: 147 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
40 (C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

50 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 175:

IYTSKIHLKR HWLVLLKSSM CSGTFFFLQA KASGNIFVQF LGIFSWGKSV ESYLIIFLGF 60

ISTVHFNIHL FCISRRQDV CHQCFFQFLA YLLYSLEFLFP DVFICDNKSF AEGLRCVKPN120  
 SRVLFHSSGD LPCDWRRACV QSTGNSR 147

5 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 176:

- (A) LÄNGE: 85 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 10 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja  
 15

(vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

20 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 176:

ECPLGARGPW EPRHPFPLGR GARSRHPCTH GRLAPPQSPP HSQQPFHSHC PSRSPQPSLR60  
 PHPHPLRAQG CNPSLSTTHR WYSWG 85  
 25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 177:

- (A) LÄNGE: 128 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 30 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

40 :  
 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 177:

NALWGPGAPG SPATLSHLA G VPAAATPARM AGWHPPRALP TASSLSTVTA LPAVPSLPYG 60  
 45 LTRTPSEPR ATPHYPPRTD GTAGAEQPHV EPERVPGARG QDAGGRMTAC PCLTSWGTTL120  
 DRGIGQDP 128

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 178:

- 50 (A) LÄNGE: 106 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: lin ar

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 178:

MPFEGGQGPLG APPFPFTWPG CPQPPPLHAW QAGTPPEPSP QPAAFPQSLP FPQSPAFPTA 60  
SPAPPQSPGL QPLIIHHAQM VQLGLNNHMW NQRGSQAPED KTQEAE 106

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 179:

(A) LÄNGE: 77 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

20

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

30 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 179:

35

GNPELPWRKF QCQHSCSLWP SPTLWPEIPQ SNLEPKRTQR TLDPN CPRPS PEVGVTNSSG60  
LRHMKKLYIN PRQATNP 77

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 180:

40

(A) LÄNGE: 64 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:



## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 180:

PPTHTRQVGE EIQSCHGENS SVSILAPCGP LLHSGQRYHS QTWSQKGKKG LSTQTAPDPL60  
QRLG 64

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 181:

- (A) LÄNGE: 206 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 181:

RLSCAGTSLG SGPHPSTRRLT QGRWVRKSRV AMEKIPVSAF LLLVALSYTL ARDTTVKPGA 60  
KKDTKDSRPK LPQTLSRGWG DQLIWTQTYE EALYKSKTSN KPLMIHHLD ECPHSQALKK120  
VFAENKEIQK LAEQFVLLNL VYETTDKHL S PDGQYVPRIM FVDPSLTVRA DITGRYSNRL180  
YAYEPADTAL LLDNMKKALK LLKTEL 206

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 182:

- (A) LÄNGE: 206 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 182:

RVFQEEELVR RQRNGASGPR PGLRRLRGGR RAVRRKERLL HRQLPAVHKR GARVKLSSPE 60  
RDVERDVFLY RAYLAQRKFG VVLDEIKPSS APELQAVRMF ADYLAHESRR DSIVAELDRE120  
MSRSVDVTNT TFLMAASIY LHDQNPDAAL RALHQGDSLE CTAMTVQILL KLDRLDLARK180  
ELKRMQDLDE DATLTQLKVL VSLQRV 206

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 183:

- (A) LÄNGE: 111 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 183:

LPRPRESEGO HRGRAGPRDE QERGRDQHHL PAHGRHLHLSR RPEPGCRPAC AAPGGQPGVH 60  
SHDSADPAEA GPPGPRPEGA EENAGPGRGC HPHPAQGLGK LATGVKAQGS F 111

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 184:

- (A) LÄNGE: 165 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 184:

GTILPIPEIR RILELLHPLQ AYQDLELGEG GILVQVLHSL QLLPGEVQAV QLQQDLHCHG 60  
CALQAVPLVQ RTQGGIRVLV VEIDGGGHEQ EGGVGHVHAP AHLSVQLGHD AVPPTLVGEV120  
40 VSKHAHGLEL RGRGGLDLIQ DHTELPLRQV RSIQEDVPLH VSLWA 165

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 185:

45

- (A) LÄNGE: 75 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 185:

LLSMRMILKP QSFMIIMMLR SSNRVTWKL LIGLDYIRYQ MENQKTSLLL MENSKTRLLL60  
LKLLNPLINV GKHCL 75

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 186:

(A) LÄNGE: 340 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 186:

RTVIDAMSAL LRLRLTGAPA AACLRLGTSA GTGSRRAMAL YHTEERGQPC SQNYRLFFKN 60  
VTGHIYISPFH DIPLKVNSKE ENGIPMKAR NDEYENLFNM IVEIPRWTNA KMEIATKEPM120  
NPIKQYVKDG KLRYVANIFP YKGYIWN YGT LPQTWEDPHE KDKSTNCFGD NDPIDVCEIG180  
SKILSCGEVI HVKILGILAL IDEGETDWKL IAINANDPEA SKFHDIDDVK KFKPGYLEAT240  
LNWFRLYKVP DGKPNQFAF NGEFKNKAF LEVIKSTHQC WKALLMKKCN GGAINCTNVQ300  
ISDSPFRCTQ EEARSLVESV SSSPNKESNE EEQVWHFLGK 340

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 187:

(A) LÄNGE: 131 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 187:

LSILYILFNG IHWLLGGNLH FSICPPRYFY NHIKQILIFI ISCFLHRNAI FLFRVHLQRN 60

IMKGGNVVTS YILKEEAVIL RAGLAALLSV VQGHSTARPG PCTGPPQAR SGWGTRAQQP120  
QQRAGVNDG P 131

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 188:

5

- (A) LÄNGE: 436 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

- (vi) HERKUNFT:
  - (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 188:

GRGMGRVQLF EISLSHGRVV YSPGEPLAGT VVRVLGAPLP FRAIRVTCIG SCGVS NKAND 60  
TAWVVEEGYF NSSLSLADKG SLPAGEHSFP FQFLLPATAP TSFEGPFGKI VHQVRAAIHT120  
PRFSKDHKCS LVFYILSPLN LNSIPDIEQP NVASATKKFS YKL VKTGSVV LTASTDLRGY180  
25 VVGQALQLHA DVENQSGKDT SPVVASLLQK VSYKAKRWIH DVRTIAEVEG AGVKAWRRAQ240  
WHEQILVPAL PQSALPGCSL IHIDYYLQVS LKAPEATVTL PVFIGNIAVN HAPVSPRPGL300  
GLPPGAPPLV VPSAPPQEEA EAEAAAGGPH FLDPVFLSTK SHSQRQPLLA TLSSVPGAPE360  
PCPDGSPAS HPLHPPLCIS TGATVPYFAE GSGGPVPTTS TLILPPEYSS WGYPYEAPPS420  
YEQSCGGVEP SLTPES 436

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 189:

- (A) LÄNGE: 127 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- 35 (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
  - (A) ORGANISMUS: MENSCH

45 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 189:

SVLFTGVVSP GPSSLP PPPQ PQGEEGGCRG AGRGWAGPEW ARLGQERRHE ALGAPVPGQR 60  
50 PGLPGEGSTG SALRGQAGFH AAAALLIRRW GLIGVAPRTV LWRKNQAGS GHWPPGALCK120  
VGDSGTC 127

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 190:

- (A) LÄNGE: 213 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

- (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

15 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 190:

LVLNVGMQLQ CLPHHIAAEI SAGCEDHAAR LHQLVGELLG GRGHVGLLNW WDAVQVQGAQ 60  
 DIEHEAALVI LGKPWRVDGG PHLVHDLPER TLKGRGCSGR KQELEGEAVL SSGQAPLVCQ120  
 RQGTVEVTLL HYPRCVISLV GDPAGTYAGH PDGSEQRCP QAHAGGPSQR LPGAVDDAAV180  
 20 AQADLEELHS PHAAASPASR AATPPPAARE SRL 213

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 191:

- 25 (A) LÄNGE: 635 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 35 (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 191:

40 GGVSPWRACV QQRMEESEPE RKRARTDEVP AGGSRSEAED EDDDYVPYV PLRQRQLLL 60  
 QKLLQRRRK G AAEQQQDSG SEPRGDEDDI PLGPQSNVSL LDQHQLKEK AEARKESAKE120  
 KQLKEEEKIL ESVAEGRALM SVKEMAKGIT YDDPIKTSWT PPRYVLSMSE ERHERVRKKY180  
 HILVEGDGIP PPIKSFEMK FPAAILRGLK KKGIIHPTPI QIQGIPTILS GRDMIGIAFT240  
 GSGKTLVFTL PVIMFCLEQE KRLPFSKREG PYGLIICPSR ELARQTHGIL EYYCRLLED300  
 45 SSPLLRALC IGGMSVKEQM ETIRHGVHMM VATPGRMLDL LQKKMVSLDI CRYLALDEAD360  
 RMIDMGFEGD IRTIFSIFKG QRQTLIFSAT MPKKIQNFAK SALVKPVTIN VGRAGAASLD420  
 VIQVEYVKE EAKMVYLLEC LQKTPPPVLI FAEKKADVDA IHEYLLKGV EAVAIHGGKD480  
 QEERTKAIEA FREGKKDVLV ATDVASKGLD FPAIQHVINY DMPEEIENYV HRIGRTGRSG540  
 NTGIATTFIN KACDESVMMD LKALLLEAKQ KVPPVLQVLH CGDESMLDIG GERGCAFCGG600  
 50 LGHRITDCPK LEAMQTKQVS NIGRKDYLAH SSMD 635

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 192

- (A) LÄNGE: 147 Aminosäuren

- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 192:

15 KPSRRRCRPCC RCCIAGMSPC WTLEESAAPV SAGAWVIGSL TAPNSRLCRP SRSATSVART 60  
TWPTAPWTSE PTVFPSLQEA SVPKTATSLH IQQPPGQNQH FSSAGLEWAR LVLAACSLCS120  
SELLFLFPFT PAAIKAQTSS PKKKKKKK 147

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 193

- (A) LÄNGE: 150 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

35 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 193:

40 DILLALPECL DGLSPFLLVF APMDGYGLNP LEQQVLVDGV HVCLLLCKDE YRRGCLLQAL 60  
EQVHHLGLLL HIFYLLDDIQ AGSPSAPHID GHRLYKGTLS KVLNLLRHGG TEEQGLSLAL120  
EVGEDGTDVT LEAHVDHAVS LVQQQVATDV 150

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 194

- (A) LÄNGE: 310 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 194:

10 EAPAAARTQS PAAAAQRGDN VYVVEVLQT QKEVEVTRTH KREGSGRFSL PGATCLOGEG 60  
 QGHLSQKKT V TIPSGSTLAF RVAQLVIDSD LDVLLFPDKK QRTFQPPATG HKRSTSEGAW120  
 PQLPSGLSMM RCLHNFLTDG VPAEGAFTED FQGLRAEVET ISKELELLDR ELCQLLEGL180  
 EGVLRDQLAL RALEEALEQG QSLGPVEPLD GPAGAVLECL VLSSGMLVPE LAIPVVYLLG240  
 ALTMLSETQH KLLAEALESQ TLLGPLELVG SLLEQSAPWQ ERRPCPCPFG SWGTAGAKEH300  
 15 RPGSCWTSVA 310

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 195

(A) LÄNGE: 244 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

20 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

30 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 195:

35 TTGIASSGTS IPEDNTRHSR TAPAGPSRGS TGPRLWPCSS ASSKARRASW SRSTPSRPSS 60  
 SSWHSSLSKS SSSLEMVSTS ARRPWKSSVN APSAGTPSVR KLWRHLIMER PEGSCGQAPS120  
 LVERLWPVAG GWKVLCLFSG KRRTSKSESI TSWATRNARV LPEGMVTVFF WLRWPWPSPC180  
 KHVAPGRENR PEPSRLWVRV TSTSFCVCST SVTTYTLSPR CAAAAGLCVL AAAGASHGAE240  
 40 SARC 244

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 196

(A) LÄNGE: 229 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

45 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:

## (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 196:

5

TGHMATGLLA FLGLAAGGQT LCPAGELPGH ARAQASGAPG SVLIAVPGRR RVHTCGPGPA 60  
APSTRGECPP PALGHTRPAR PRPVLLRPSC SPGARGAGTW SALLPRGTLL QEAAHQLERP120  
QQGLRLQRLR QQLVLRFTQH GQCPQQVDNR DSEFRHQHSG GQHQALQDST CWTVQGLHRP180  
KALALLQRLR QGSQGQLVPQ HPLQALQQQL AQLSVQKLQF LGDGLHLCF 229

10

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 197

(A) LÄNGE: 95 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

15

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

25 :

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 197:

30

TEILPVFVRL AGVPICSTGN ASAMLQPQKP GLSLQQQAEP CLWSGAVHSS VCLVLGLELD60  
RGGVSSPSLN SEQTLCLAPV CPGNSPGPHW EPLVF 95

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 198

(A) LÄNGE: 101 Aminosäuren

35

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

45

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 198:

50

AVPRGSLRED GKVRCMSNLL MAGSPLCPLS LALVIAELCA QCCGLAVARL FLWGARAGCG 60  
NQSSQTDVSQ AEDSFLAEVS PHLQVSGWGG ARRGRHTPCL T 101



## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 199

- 5 (A) LÄNGE: 155 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

15 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 199:

20 VRHTSHLAVL TQGAPGHCSC AAWALLLRTP RAPNEGLGNC LGTLGPGTGS VLNSGKVKRP 60  
HLYPAQAQEQ GRQSCGQHPT TDTVLPAAGV RGLVSEAAAW HWHCLCYRWG LLRVSQIQGE120  
FQFTQPKGPV CRAALTRAQQ HSTELGKGRG ERVKD 155

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 200

- 25 (A) LÄNGE: 138 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35 (vi) HERKUNFT:

: (A) ORGANISMUS: MENSCH

40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 200:

45 RMKCSQPPRC HFQSDFOKCA PCPRAQTHWL EPPGRVQTIS SMRNAQKGFA DSIRLWRLPA 60  
SGVGWVVSP IQTQEVAP EG MYLVGSSSGT LGGCRALTQV FLSLSSLGCV CACACACLCF120  
SLWAHQDAPR RACARVPT 138

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 201

- 50 (A) LÄNGE: 132 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 201:

VHGREARLGT LAGTAALKPA LLSGYQTFKG QDVLRRVPVA ARRPAGACPR VTAWRCWGSG 60  
HLPCLCQEG EAFEEASVLA ARSLSQPLPG SCTGQGLIPC HAGPLEQVGW GWYVLSPQPW120  
15 QPCPLGKVIS DL 132

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 202

20

(A) LÄNGE: 131 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

30

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 202:

35 RLFIGCSLQN KQRWDWGPSL GPCTPLSRAY NHVHRPGRGP ALCPTKSSLH QSSWSPPLRD 60  
PAQLPRSWG I GTRVPWRVQE MRRIPCTLR TPTPELWSRG HCERRQRERH VEDTLTDPVG120  
SGRAEDRHTK P 131

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 203

(A) LÄNGE: 76 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

45

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:

## (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 203:

5

LAAIKDQLEG VQQALSQAAP IPEEDTDTEE GDDFELLDQS ELDQIESELG LTQDQEAQAQ60  
QNKKS SSGFLS NLLGGH 76

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 204

10

- (A) LÄNGE: 102 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 204:

25

RVCSKHFLRL PPSQKRTQTL KKVMTLNYLT SQSWIKLRVN WDLHKTRKQK HSKIRSLQVS 60  
FQICWEAINL GISLQQSTKN TKKISNKKKK KKRKRKKLNC KL 102

30

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 205

- (A) LÄNGE: 80 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

45

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 205:

ICLHHNHCLC DTQLLAFYGL IPPTARLEMA VNGACFFTNK PKSTTAEITW KRFSLSRVLK60  
YTFKFFPKKL ILIVFPKSFN 80

50

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 206

- (A) LÄNGE: 76 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 206:

GKPAALEAHQ GSRLQGRSRE QAAIPPLLSS RTQLCGLGFL FAGLAPCRTL VLELEGPILP60  
RGDSQGCRGI GWRRVL 76

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 207

- (A) LÄNGE: 72 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 207:

NLRVSQLPWK PTRAPDCREE AGSRQPYLHS CPQGLSCVAL DFFLRDLRPA GHWCSWRVL60  
SCPGVTPRVA GG 72

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 208

- (A) LÄNGE: 73 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 208:

10 PGMSSLQDRH GRTIWFQVGP YCSHRQRPQE ADGWKRGVTI TGVVMLRVCL DPPRTTLFLR60  
VTPLPSHASQ GCS 73

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 209

15 (A) LÄNGE: 182 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF  
(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 209:

30 QRWLWTSSTS PCWIRAFLEPP AGQVWPCSLG RAPAPLTTLQ LTMQLMPKLW CPVCSSPGSH 60  
CHLQRGSLLR PTLHLAPPW LLAWPNLAFC AMLELELLLF FRGGNRVESG KGLAPKCCCC120  
GFFAFSKDAL PGPKLQTAVL SKQVRSIGFG AHLLSGSISI LLLATSGQRP PQPHIARCWQ180  
KG 182

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 210

40 (A) LÄNGE: 130 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF  
(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 210:

VGPGKQPWWG QVKQCGSQQG TPLKVAVAPR AAAHWTPQLW HQLHGELQSG QRGWGPAKRA 60  
 RPDLPSSGRQE GPDPAARRSG SPQPPLLLIA TGTSGDRLCS WESRSPGFVG LPAGDRHVSH120  
 RERPGSRPQL 130

5

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 211

- (A) LÄNGE: 111 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 10 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

20

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 211:

VTGKGRDPGL SCSSSWKRS RTVTIHADTE QQYETEQLRA VSSSAEAAWA ATPPFCNHPM 60  
 MSPPHLTSRW GWMAEQMKPA LWRGSLTEMH TFMGEVDGHL TSLMFHTVDC T 111  
 25

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 212

- (A) LÄNGE: 243 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 30 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

40

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 212:

DVQVAGPEPD CRVHSHVLPQ QAHRLAPGPY SVGESLQPRE GCEDCDRQKA NLRIRFKPSL 60  
 45 FQHVGTSSSL AGKIQLKDK DFGKQALRKE HVNPPAEVST SLKTYQHFTL EKAYLREDDFF120  
 WAFTPAAGDF IRFRFFQPLR LERFFFRSGN IEHPEDKLFN TSVEVLPPDN PQSDKEALQE180  
 GRTATLRYPR SPDGYLQIGS FYKGVAEGEV DPAFGPLEAL RLSIQTDSPV WVILSEIFLK240  
 KAD 243

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 213

50

(A) LÄNGE: 244 Aminosäuren

- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 213:

15 GRTGVSVMVG IPSVRREVHS YLTDTLHSLI SELSPQEKED SVIVVLIAET DSQYTSVTE 60  
NIKALFPTEI HSGLLLEVISP SPHFYPDFSR LRESFGDPKE RVRWRTKQNL DYCFLMMYAQ120  
SKGIYYVQLE DDIKAPNYL STMKNFALQQ PSEDWMILEF SQLGFIGKMF KSLDLSLIVE180  
FILMFYRDKP IDWLLDHILW VKVCNPEKDA KTVTGRKPTC GSASNRPSST TWALTPRWLA240  
20 RSRN 244

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 214

25 (A) LÄNGE: 210 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 214:

40 PAESQPADPL QTVPLPARGH SLLAGWQDPE TEGQRLWKAG AEGACEPAS RGEHEPEDIP 60  
ALHPGESLPA RGLLLGLHPC RGGLHPLPLL PTSKTGAVLL PQWEHRAPGG QALQHVCGGA120  
ALRQPSVRQG GPAGGPHRHP PVPSEPRRLP PDRLLLQSGS RGRGGPSLRP SGSTAPLDPD180  
45 GLPCVGDSEK DLPEKGRLLC GLLRVPCGQP 210

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 215

50 (A) LÄNGE: 128 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 215:

GGAGLVHGSA DWPC LAPWRV SSCFLPGTEL RGLGAPGAKS RLWCRGGGLS LNRHPEVLLR 60  
CWVHPEWHGE QLWPVLLPRP VLGKLSSGPS LQRPRMGVWV GTHGEWPEEL RVKRAPVCWL120  
QRP GAPLS 128

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 216

(A) LÄNGE: 124 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

20

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

30 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 216:

FPQDWPRKEH RPQLLPVPLR VDPASQEHLR VSVKRQASTP APEPALSSRC PQTPQLCARQ 60  
EAARHTPGRQ ARPVRGPMDK PSPASGKTGP FPTGHAPELW QIAGAIWGE FNKSPFENEK120  
KKKK 124

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 217

40

(A) LÄNGE: 142 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH



:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 217:

5 VPHTHPILGL CKEGPELSFP RTGLGRSTGH SCSPCHSGWT QHLRSTSGCR LRDRPPPLHQ 60  
SLLAPGAPR PRSSVPGKKQ LDTRQGAKHG QSADPWTSPA PPQKGQGLSL QDTPQSCGRL120  
QEPSCGENLI KALLMKKKK KK 142

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 218

10

- (A) LÄNGE: 379 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## 25 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 218:

RRLEGFNGG WTEPGILWM EPTQPPDFAL AYRPSFPEDR EPQIPYPEPT WPPPLSAPRV 60  
PYHSSVLSVT RPVVVSATHP TLPSAHQPPV IPATHPALSR DHQIPVIAAN YPDLPSAYQP120  
GILSVSHSAQ PPAHQPPMIS TKYPELFPAH QSPMFPDTRV AGTQTTHLP GIPPNHAPLV180  
30 TTLGAQRPPQ APDALVLRTO ATQLPIIPTA QPSLTTSRS PVSPAQISV PAATQPAALP240  
TLLPSQSPTN QTSPISPHTP HSKAPQIPRE DGPSPKLALW LPSFAPTAAP TALGEAGLAE300  
HSQRDDRLL VALLVPTCVF LVVLLALGIV YCTRCGPHAP NKRITDCYRW VIHAGSKSPT360  
EPMPPRGSLT GVQTCRTSV 379

35

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 219

- (A) LÄNGE: 157 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

50

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 219:

VDTDECQIAG VCQQMCVNYV GGFECYCSEG HELEADGISC SPAGAMGAQG SQDLGDELDD 60  
DGEDEEDEDE AWKASTVAGR RCLGSCGWSL RSRLTLPWPI DRASQRTESH RYPTRSPPGH120  
PRSVPPGSPT TPQCSPSPGL WWSLPRIPHC LLPTSLL 157

5

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 220

(A) LÄNGE: 211 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

10

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

20 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 220:

PPPPGPLCLL PIKSLCLLPP SPQSPSPSCP LRAPLTRPHP SALHIPIPKP PKSQGKMAPV 60  
PSWPCGCPHQ LPQQPQQPWG RLVLPSTARG MTGGCWWHSW CQRVSFWWSC LHWASCTAPA120  
VAPMHPTSAS LTAIAGSSML GARAQQNPCP PGAASQGCRP AEPACDGVQT PLMEYGALDT180  
WPGLHQGPMG AAQLDRWLP AQAQPGSSLN H 211

30

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 221

(A) LÄNGE: 117 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 221:

LGEPQISGAQ PGRVWGQLCQ STSQAHPLPG MPWDHGQGR L WGSETPLLST PSQNTLRVSG 60  
LWREWGRKN WHLPREGDER FALILREASE KCFKVCVMRQ AVSGGGLSSP LPPSFPK 117

50

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 222

- (A) LÄNGE: 198 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 222:

NKELSSLKSS DVVMTHTESC ITVASRATHL FGLSDGHSFT TQQQTPHTGT RMSASTWEAV 60  
AEPGRWPGPD HGLSGAGHQG VRVPMLPQGV GMTGRSLVTR QWTSLGEGWR ERAGQAPAAH120  
RLAHANTLKA LLGGFSENQG EALVSFPRKV PILPPAPLSP EPRDPQGVLA GGAKQRCCLRP180  
20 PEPSLPMIPR HARQGVGL 198

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 223

25

- (A) LÄNGE: 98 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 223:

40 SHGMPGRGWA CEVDWHSCPH TLPGWAPFIW GSPSQHGVLG ACPGPFTRTE APHPLSHFSR60  
WKTQRRKRPW GGVPSCLQLA PWVPLCGGSP DSISASE 98

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 224

45

- (A) LÄNGE: 298 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

5 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 224:

10 ATRRRRAEAG MAAVLQQRVER LSNRVVRVLG CNPGPMTLQG TNTYLVGTGP RRILIDTGEP 60  
AIPEYISCLK QALTEFNTAI QEIVVTHWHR DHSGGIGDIC KSINNDTYC IKKLPRNPQR120  
EEIIGNGEQQ YVYLKGDGDI KTEGATLRVL YTPGHTDDHM ALLEEEENAI FSGDCILGEG180  
TTVFEDLYDY MNSLKELLKI KADIYPGHG PVIHNAEAKI QQYISHRNIR EQQILTFLFRE240  
15 NFEKSFTVME LVKIIYKNTF ENLHEMAKHN LLLHLKKLEK EGKIFSNTDP DKKWKAHL 298

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 225

(A) LÄNGE: 58 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

20 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

30 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 225:

35 GFSWGRSPLG RCWCLGGSWD PGYSPTHARL DWTAARRAAV QQPFPQPAPA GVSPWIWIL 58

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 226

(A) LÄNGE: 73 Aminosäuren

40 (B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

50 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 226:

SGSLSLNHIS IFQINILLLS ISYNFFSLRI PWEFFNAIGS VIIDAFTNIS YASRMISVPV60  
SHYNFLDCCV KFS 73

5

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 227

- (A) LÄNGE: 141 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
10 (C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

20 (A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 227:

25 AFLLRPSVTA STRLLPVCAS PRSSPGPSPA QQQQAWQQAW SSARAPSRCR ARPSSSERPC 60  
PAVGRLASLY CCCMVFASPP RPGRTWVHCT GWPRLATGLW PLTCQVWGTP RKQQPLPLLG120  
SWPLAASWRL WWPWSWAPR L 141

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 228

30

- (A) LÄNGE: 244 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:

: (A) ORGANISMUS: MENSCH

## 45 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 228:

VPPPALGHRQ HAPASRLRES TQLPRPFTST AAAGMAASVE QREGTIQVQG QALFFREALP 60  
GSGQARFSVL LLHGIRFSSE TWQNLGTLHR LAQAGYRAVA IDLPGLGHSK EAAAPAPIGE120  
LAPGSFLAAV VDALELGPPV VISPSLSGMY SLPFLTAPGS QLPGEVPVAP ICTDKINAAN180  
50 YASVKTPALI VYGDQDPMGQ TSFEHLKQLP NHRVLIMKGA GHPCYLDKPE EWHTGLLDLFL240  
QGLQ 244

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 229

- (A) LÄNGE: 144 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 229:

WTDHNRGAQL QGIHHSRQEA ARGQLPNRGR GCCFLGVPQT WQVNGHSPVA SLGQPVQCTQ 60  
VLPGLGGEAN TMQQQYREAS LPTAGQGLSE EEGLALHLDG ALALLHACCH ACCCCAGEGP120  
GELRGLAQTG SRRVLAVTEG RRRN 144

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 230

- (A) LÄNGE: 135 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 230:

LEFFIPCLGS VNEACLFPGV SFHGLYFSSS SGSFAGSSLW KLHERWLGLG FAGVYSRVKA 60  
EWDLRPRLGT TQAEKGRFHH SQCPHSTTS ARAPPSLLPH PAIVRGATVG RRVPRRGLFL120  
LPVPEKAFPL LKFKH 135

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 231

- (A) LÄNGE: 96 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 231:

GGPVCWEPQV TPFSSYSVPG ASCPPLQILG KENVYVAGYC MVTSEGRPLG THLPTAAQAR60  
AQAHLLVLRP QIKPSPHMA SDRFLPSRKF CGCAVL 96

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 232

(A) LÄNGE: 83 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

20

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 232:

CCGEGTVNDG NVPSQPGSCL TWVSNPTLPS PWSTLQSRG PANAREVSTE KSLQNSHWKR60  
RNKGHGKKPQ GRDRPRSQTL GRE 83

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 233

(A) LÄNGE: 52 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

40

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

50 :

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 233:

ASPASLAQAT SRQPAPSPRA RSHLATSTSW TSSARSDAGC GECRRDPGAP PR

52

5

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 234

(A) LÄNGE: 94 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

10

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

20

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 234:

LGSAAWQQLRR PEASETLRLV GTHRPRQAL PRQRVASPPP RRGLGLTSPP VRLGQVVPGL60  
MPGVVSAAGT QVRRRLDEVPA SLRLQHHLQL REGL 94

25

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 235

(A) LÄNGE: 95 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

30

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

40

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 235:

ARPSRSWRWC CSRSDAGTSS RRRTWVPAAL TTPGIRPGTT CPRRTGGEVR PSPRRGGGLA60  
TRCLGKARWR GLCVPTSRRV SDASGRRSCC QAEPR 95

45

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 236

(A) LÄNGE: 174 Aminosäuren

50

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel



(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

5 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 236:

15 APTNTRSSSK FATSGSPGYP IASSGASPEV RQRRTTFFRF RPPGESLCGDM KLLTHNLLSS 60  
HVRGVGSRGF PLRLQATEVR ICPVEFNPNF VARMIPKVEW SAFLEAADNL RLIQVPKGPV120  
EGYEENEEFL RTMHLLLEV EVIEGTLQCP ESGRMFPISR GIPNMLLSEE ETES 174

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 237

20 (A) LÄNGE: 225 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 237:

35 YRAQKHCVWC HWVKGWGYTR QNSETGYRST KIHSHNKNW RLAQSTLSFL FTQQHVGDPA 60  
ADGEHTSRFR ALQALYHFH LQQQVVHGPO KLLILLISLN RPPRHLDQTO VIGRLQERRP120  
LHFRYHTRHE VGVEFHRADT DLGGLEAQGE ATGPHPPHMR AQQIVGKQFH VAAQTLARPE180  
40 PEKGRPPLPH FRGCSTRCYW IARRTGSGEL AGTSRVCGSS FLYAN 225

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 238

(A) LÄNGE: 209 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

45 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 238:

TFNEKKIYNT ELKNTVFGVI GSRVGDTHGR IRKQGIDQQK YTVITRKTGA WHNQLSVSSS 60  
LSSMLGIPRL MGNIRPDSGH CRVPSITSTS SSRWCMVLRN SSFSSYPSTG PFGTWIRRL120  
10 SAASRNADHS TLGIIRATKL GLNSTGQIRT SVAWRRRGKP RDPTPRTCEL SRLWVSSFMS180  
PHKLSPGRNR KKVVLRLCLTS GDAPLDAIG 209

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 239

15 (A) LÄNGE: 146 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 239:

30 INAFSHRNAK ININPPDAVA AALRPKSQRP RLTIKVFSE SVGVSVNGCA LGGTVERCAK 60  
SELQTIGQGH GVATRRRLSA GAPPRTHSQQ SSHWHEELKNK HLQGRGKRPR SRRSRARASA120  
ARGAPTGSQR GGSPKRARSG RSRVLA 146

35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 240

40 (A) LÄNGE: 134 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 240:

SRTFSEFLSFL HCANILTLFV SFQEPHRHIQ VKRSLNKCLQ PSQCKNKYQS SRRSSSRAAP 60  
KVPTATPNNY KSVQRECWRE CEWVCAGGHG GAVCKIGVAN HRTRAWSGYP PPTQRGRASP120  
HTLTAEFALG RVKK 134

5

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 241

- (A) LÄNGE: 147 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
10 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

20

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 241:

PARTDRPLL ARFGLPPRCE PVGAPLAALA LARERRERGR FPRPCKCLFF NSSQCELCCE 60  
CVRGGAPALS RRRVATPCPC PMVCNSDFAH RSTVPPSAHP FTLTPTLSLN TFIIVRRGRW120  
25 DFGRSAATA SGGLIFIFAL RWLKAFI 147

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 242

- (A) LÄNGE: 88 Aminosäuren  
30 (B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

40

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 242:

PVLCRGNSGS LSRKFPPKPQ KPADKDHPT CVYLENRSPG KSDLSATPGR SGLESGYQNL60  
45 LRQHQPGRGRC PTWPGSRWKV PRRFPGYG 88

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 243

- 50 (A) LÄNGE: 164 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein

- (C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 243:

15 QDGCPSGDF AALQSLLKAS SKDVVRQLCQ ESFSSSALGL KKLLDVTCS LSVTQEEAEE 60  
LLQALHRLTR LVAFRDLSSA EAILALFPEN FHQNLKNLLT KIILEHVSTW RTEAQANQIS120  
LPRLVLDWR VDIKTSSDSI SRMAVAPPGL VPDGRFQGGG QAMG 164

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 244

- (A) LÄNGE: 87 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 244:

FAWASVLQVD TCSRMI FVSR FLRFWWKFSG KRARIASAED RSRNATSLVR RCRAWSSSSA60  
SSWVTDKLEH VTSKSFFKPR AELEKLS 87

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 245

- (A) LÄNGE: 129 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 245

DGPGGPTAHP HRCAPPGVC PGQAPAHLL CAAAPGHPGQ GQQPAAGGLV GDADRAGDLE 60  
CSPRRIFLHP RLHPPRHLGS CHLDRGCGCA GWSCCLHLRE TGWYILGPAE DSASAGSFLH120  
SHRCPQTL 129

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 246

(A) LÄNGE: 268 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 246:

ASPSNSQPTS PASAPALPPP ARRSRGAQTV SLTMGTADSD EMAPEAPQHT HIDVHIHQES 60  
ALAKLLLTCC SALRPRATQA RGSSRLLVAS WVMQIVLGIL SAVLGGFFYI RDYTLTSG120  
AAIWTGAVAV LAGAAFIYE KRGGTYWALL RTLLALAAFS TAIAALKLWN EDFRYGYSYY180  
NSACRISSSS DWNTPTPTQS PEEVRRHLHC TSFMDMLKAL FRTLQAMLLG VWILLLLASL240  
APLWLYCWRM FPTKGKRDQK EMLEVSGI 268

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 247

(A) LÄNGE: 103 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 247:

DCTQDPQHDL HHPRGHQQPA AAPGLGGPGP QRRAGEQEL GQGRLLVDVH IDVGVLWGLR 60  
GHLITVGCSS CQGHSLRSSG PASGRREGWG AGWRSGLRVG GGG 103

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 248

5

- (A) LÄNGE: 86 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 248:

GSRRRDGGGA GAAPVAPRAL GRRARAGRCS EDEGGGAQR VWGEQPVLAS GQSPPGQEGS60  
FTRVWTRASL PTLGQVLQPG GVHVQV 86

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 249

30

- (A) LÄNGE: 154 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

40

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 249:

45

ARGGAMAAGL ARLLLLLGLS AGGPAPAGAA KMKVVEEPNA FGVNNPFLPQ ASRLQAKRDP 60  
SPVSGPVHLF RLSGKCFSLV ESTYKYEFCP FHNVTQHEQT FRWNAYSGIL GIWHEWEIAN120  
NTFTGMWMRD GDDCRSRSRQ SKVELACASP SNCV 154

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 250

50

- (A) LÄNGE: 95 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 250:

15 PLDAVARART RQLHLALPAP GTAVVTVPHP HAREGVVVDL PLVPDAEDPT VGVPAEGLLV60  
LGHVVERAEL ILVRGLHQAE ALARESEEMH GSRHG 95

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 251

(A) LÄNGE: 240 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 251:

35 KVTDGHTRTP RSGVPRQHEA GSPGLTASHA MSIHLAGSLT AMDSICASER SQGVWRAPTP 60  
GCQGLSPGPR PGELPGGSSP EERLGRLAVA GPPRGAQNVS QAGPEAEAPP LRFGHAWGAQ120  
TPRLGAPGPW TPLPTLPISH PPFWSQTPAQ RKEGFTEEGQ GRAWPQGGDE DISGPGSCRL180  
40 LWEEPCVCK LLGLAARPTA GPSLDPCTWP SSCPLAAPGL GTGIEPRGLG WLGQGRDREG240

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 252

(A) LÄNGE: 216 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 252:

10 GLVMPGELRR PGLGPQAHGL PSPLCPPIFP LFGPRHQHKE RRGSRQKARA EPGPREGMRT 60  
FPVQVAAGCS GRKSHASVNC WGWRPAPLQG PALTPARGHP AALWLPLALA QASSLEGWAG120  
WARAGTGRGS TSDPDVGWLC PPRREAQOTS YTKAKSTIGE PRSHFMGRRP RPQGPQSKAR180  
GRFIPEDSPP GAAPAWGGVS RPLGCLSVCG TPWSTP 216

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 253

15

(A) LÄNGE: 218 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 253:

VLRRLYIYIL YITNMKWFST QPLWLNTKQR SHRRGPGPPP APLSGVLGSR GLPHHPSQGW 60  
GRAGPRAGAN VAWNSNCIVR WVGQWARGC SQPGPFTTNL AMTCGGPWGS GCLLGSTLSE120  
VSPWAPPSCP QGHPVLPTL WAWGLQDPLC RVRVGAGHGS RHQPDAPVGV ARSWDGVVRN180  
35 TAPKTQNKNT TNGRRSPPT EVGFEPLLI FVSFLQPW 218

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 254

40 (A) LÄNGE: 79 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

50

:



## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 254:

RDGGGAGAAP VAPRALGRRR RAGRCSEDEG GGGAQRVWVS SLAGWRLERG TARARSPLTL60  
PLPVGGTTRS CLRPPVASRP 79

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 255

(A) LÄNGE: 79 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 255:

LGLEATGLRQ ERVVPPTGSG KVSGERARAV PRSSRQPARL LTQTRWAPPP PSSSLHLPAR60  
ARRPRARGAT GAAPAPPPS 79

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 256

(A) LÄNGE: 79 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 256:

WPGGDWPEAR TGCSTYGKRQ GQRGTGPRP PLEPPAREAA HPNALGSSTT FIFAAPAGAG60  
PPAESPRSNR SRASPAAIA 79

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 257

(A) LÄNGE: 51 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

5 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 257:

15 GHLGGPTGSV CSRILLASSP FYMNCCINKH RVPETTEVII LPTECWPGQA W 51

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 258

20 (A) LÄNGE: 49 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

30 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 258:

35 GGGFLGQIDK SKDNISLVTV IQLHSYTV AL FGLSHEEVLV TNYVFVGCF 49

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 259

40 (A) LÄNGE: 48 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

50 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 259:

5 AFTRNTTNKV SDMLANQARL RSLRRPNWLC LLKDSSGLVS ILHELLHK 48

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 260

10 (A) LÄNGE: 179 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

20 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 260:

25 PGISVSVDKM ESSPFNRRQW TSLSLRVTA ELVLNKNKS SAIVEIFSKY QKAAEETNME 60  
KKRSNTENLS QHFRKGTTLV LKKKWENPGL GAESHTDSL NSSTEIRHRA DHPPAEVTSH120  
AASGAKADQE EQIHPRSLR SPPEALVQGR YPHIKDGEDL KDHSTESKKM ENCLGESRH 179

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 261

30 (A) LÄNGE: 56 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

40 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 261:

45 QATLLLEPKL TKNKSTPDL DSGHLLKPSF RVDIPTSRV RILKTTQQKV KKWKIV 56

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 262

50 (A) LÄNGE: 94 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

5

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

10

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 262:

15

DSAPSPGFSSH FFFNTVRVPF LKCWERFSVL LLFFSMFVSS AAFWYLENIS TIADDLFLLT60  
RESSLAVTLN DSEVHCRLLN GDDSILSTDT EIPG 94

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 263

20

(A) LÄNGE: 75 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 263:

35

VMSPADKAA RADSARAARG KRKKNVEENM AYSALMEVAG YCLIERMLWN PMLKIKSVWL60  
CSYAVMVIPR QLAKV 75

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 264

40

(A) LÄNGE: 74 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:

## (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 264:

5

AMFSSTFFFL LPRAARAESA RAALSAGSLI TYAFYKRLPK KLLTRNVDK PLKANKQQT60  
VFAFSYSWQA EVRA 74

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 265

10

- (A) LÄNGE: 63 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 265:

DSKAFSLSS NQPLPSKLSR PCFPPHFFFF YLEPLEPNRL EPPCLLDHSS PTHFIKGYPK60  
RNC 63

30

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 266

- (A) LÄNGE: 94 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

45

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 266:

RRGSGSRSSM APVLASMLWM STRGTAMTST SLCTSRARSR PMPSSSSPTP TAWRCCCATR60  
TRVSTSTRTG ASLRMWCCSG GRCLLLWPTS APTR 94

50

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 267

- (A) LÄNGE: 254 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 267:

GDRKPLYHYG RGMNPADKPA WAREVKERTR MNKQONSPLA KSKPGSTGPE PPSPQASPGP 60  
PGLPWAPKPY HKFMAFKSFA DLPHRPLLVD LTVEEGQRLK VIYGSSAGFH AVDVDSGNSY120  
DIYIPVHIQS QITPHAIIFL PNTDGMEMLL CYEDEGVYVN TYGRIIKDVV LOWGEMPTSV180  
AYICSNQIMG WGEKAIEIRS VETGHLDGVF MHKRAQRLKF LCERNDKVFF ASVRS GGSSQ240  
VYFMTLNRNC IMNW 254

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 268

- (A) LÄNGE: 231 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 268:

GKKHLVIPLT QELEPLSSFV HEDPVEVARL HRADLNGFLT PAHYLVGADV GHRSRHLPL 60  
QHHILNDAPV RVDVDTLVLV AQQHLHAVGV GEEDDGMGRD LALDVHRDVD VIAVPRVDIH120  
SMEASTGAID DLEPLPLLYC QVDQQRAGE VGKGLEGHEF VVGFGGPGEA WGPWGGLGAG180  
GLRPRAAWLA LGQGRVLLLV HPCSLFYLSG PGWVFSGIHA PTIMVQGLPV P 231

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 269

- (A) LÄNGE: 454 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 269:

15 GAGCTSPGLW ARKAAARCLP TYPsRAQPSN VGRRRRRRPG LGALAAGVPA MAESVERLQQ 60  
 RVQELERELA QERSLQVPRS GDGGGGRVRI EKMSSEVVDS NPYSRLMALK RMGIVSDYEK120  
 IRTFAVAIVG VGGVGSVTAE MLTRCGIGKL LLFDYDKVEL ANMNRLFFQP HQAGLSKVQA180  
 AEHTLRNINP DVLFEVHNYN ITTVENFQHF MDRISNGGLE EGKPVDLVLS CVDNFEARMT240  
 INTACNELGQ TWMEsGVSEN AVSGHIQLII PGESACFACA PPLVVAANID EKTLKREGVC300  
 AASLPTTMGV VAGILVQNVL KFLNFGTVS FYLGYNAMQD FFPTMSMKPN PQCDNRNCRK360  
 20 QQEYKKKVA ALPKQEQIQE EEEIIHEDNE WGIELVSEVS EEELKNFSGP VPDLPegITV420  
 AYTIPKKQED SVTELTVEDS GESLEDLMAK MKNM 454

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 270

(A) LÄNGE: 123 Aminosäuren

25

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

35

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 270:

40 KLTVPKFNRN FNTFCTKIPA TPIVVGRLA AQTPSRFRVF SSIFAATTSG GAHAKQADSP 60  
 GIISCICPET AFSLTPDSIH VCPSSLQAVF IVIRASKLST QLRTRSTGFP SSNPPLLILS120  
 MKC 123

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 271

45

(A) LÄNGE: 176 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

5 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 271:

10 CSSEYVLLLE LYLILLDEVG RKYVSYWLVP PCHNQRVATY QCHILSAFQQ SHYLLHQHLL 60  
LLRQRYGFSH SRLQFPFVSM PSSGCRDSNP PPLSSSSRCG PGRPLRRRSS GPADSSPGQV120  
PAPAPGPAAA GAPQTPPWLG LRPPTL PARA FAAAFAPRCS AGPARGTWGG TSPLPS 176

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 272

15

(A) LÄNGE: 117 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 272:

EARQAWTGAK GAGSLTFSSL QSGHLASGSQ SPESTKAPGT PPTPSYPGTP SRQLLWQWVQ 60  
PRPALPASSP CSRHQLYLPR QAMSWLLSPA PSVPLDFSGA SPVWATLCFP HPRLPHR 117

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 273

(A) LÄNGE: 86 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

40

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 272:



APALPPPAGN VLASQPSTIC SPRLLRGQPS LGHPLFPSSS APTQVTDPAD SFSLGKVGCC60  
LTSPSSPPPI HTHRHPTPG RLVSHM 86

5

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 274

(A) LÄNGE: 177 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

10

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 274:

EARTLPAGGG RAGAYCRERR LAVLAWAGPT AITVAYLGSL GRMEWVGCQG LWCFLVIGTL 60  
MPSAHFAKKK KLMTLLPWLL SMLAWPPRVG GTSPLLAEG EQVLSYDPIH QAGVLSPSGH120  
25 HSSQHQQPVG LGQGSEKGWQ EVPRSSQPGR GTNALNTSKL RDPKVSTPGS GLPPHRH 177

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 275

(A) LÄNGE: 71 Aminosäuren

30

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

40

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 275:

45 QFPGPSVPEQ STSVSVTTSC LFPSLHLLQF IYMLLLLVHF CLPYQAVNEG RNLVCFIHHH60  
VPSAHHIVGL H 71

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 276

50

(A) LÄNGE: 102 Aminosäuren

(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

15 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 276:

FFFFFFFFF FFFCLINMSI YLAPDGNTKS WQWEWKGSLS QILPYYVDPK AGLGSKAHKP 60  
PKQIFIEHLD YYRPSILLGT MGDVKEVISH MICLQAKNA SG 102

20 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 277

(A) LÄNGE: 65 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 277:

GVIESRRVLS RGVIRFIFKQ PNPGRGCPIL SALKKIPFPY LPASIMSVEE SNCGSFEGDG60  
PFFPV 65

40 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 278

(A) LÄNGE: 65 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 278:

FFFFFFFF FFLFNKYEHL FGTRWQYKIL AVGVVERFSLS NTSILCRPKG RTWQQGSQTT60  
QTNIIY 65

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 279

(A) LÄNGE: 489 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
15 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 279:

30 LADSFPGSSP YEGYNYGSFE NVSGSTDGLV DSAGTGDLSG GYQGRSFEPV GTRPRVDSMS 60  
SVEEDDYDTL TDIDSDKNVI RTKQYLYVAD LARKDKRVLR KKYQIYFJNI ATIAVFYALP120  
VVQLVITYQT VVNVGTGNQDI CYYNFLCAHP LGNLSAFNNI LSNLGYILLG LLFLLIILQR180  
EINHNRALLR NDLCALECGI PKHFGLFYAM GTALMMEGLL SACDHVCPNY TNFQFDTSEFM240  
YMIAGLCMLK LYQKRHPDIN ASAYSAYACL AIVIFFSVLG VVFGKGNTAF WIVFSIIHII300  
ATLLLSTQLY YMGRWKLDSE IFRRILHVLV TDCIRQCSGP LYVDRMVLLV MGNVINWSLA360  
AYGLIMRPND FASYLLAIGI CNLLLYFAYF IIMKLRSGER IKLIPLLCIV CTSVVWGFAL420  
35 FFFFOGLSTW QKTPAESREH NRDCILLDFD DDHDIWHFSL SIAMFGSFLV LLTLDDDLDT480  
VQRDKIYVF 489

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 280

40 (A) LÄNGE: 182 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 280:

5 APLCHRPVTL SCCGDESQHR CPALDGSRTA RSSLGLAWDS HGVAWNLAAA LCRGAGLLPW 60  
DPQMLAKLLL SSQCWGLPWA PVLWLSICPF ARGRMEGTPS PFHALHFARP PPHNAPAWDL120  
RPLFPPILPL QGLVWGLNLC PVSGPQFSLG CPWLPSLPIP VSQDGWGYEI LGVGQLVPDF180  
WC 182

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 281

10

- (A) LÄNGE: 536 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## 25 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 281:

ARPGCPAAIQ CWA AVLGLIP TARQSDRSMT QRSSGPLEVK RRAQLLLEDI DLVPLHSIQV 60  
VIQCQQHQEG PEHGDGGEEV PDV VVVKEVE EDAVPVVLPR LCRGFLPGAE SLEEEEEEREA120  
PDHGGANDAE QGDELDPLPT PELHDDVEGE VKEQVADANG QQVGSEIIGA HDKPIGSQRP180  
30 VDDVAHDQQH HAVHVERPAA LPDAVCVEHV EDAAEDPRVQ FPPAHVIELR AEEQGGDDVN240  
DGEDDPERRV PFAKDHAQHR EEDDNGQAGV GTVGAGVDVR VPLLVELQHA ESGDHVHERC300  
VKLEIGIVGA HMIASTEQL HHQGAHGVE KPKVFGDPTF QGTEVIAQQG PVVVDLPLQD360  
DEQEKQPQQD VPQVAEDVVE GAEIAQWVGA EEVVVADVLI PCDIHHRLVG DHQLHHRKGI420  
EDSNGGNVPE VDLVLPQNT LVLPCQVSHI EVLLGANDIL VGIDVGQCVV VILLHRAHGV480  
35 HSGPSTYRFK GAALVTREV PSASAVNQTI GRSRNILKGA IVVTLIRGTA RKRISQ 536

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 282

40

- (A) LÄNGE: 551 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 282:

5 PLSSPSCCRY RRCRRRLRPP LRSVVQPGPR TMSLSRSEEM HRLTENVYKT IMEQFNPSLR 60  
 NFIAMGKNYE KALAGVTYAA KGYFDALVKM GELASESQGS KELGDVLFQM AEVHRQIQNQ120  
 LEEMLKSFHN ELLTQLEQKV ELDSRYLSAA LKKYQTEQRS KGDALDKCQA ELKKLRKKSQ180  
 GSKNPQKYSYD KELQYIDAIK NKQGELENYV SDGYKTALTE ERRRFCFLVE KQCAVAKNSA240  
 AYHSKGKELL AQLPLWQQA CADPSKIPER AVQLMQQVAS NGATLPSALS ASKSNLVISD300  
 PIPGAKPLPV PPELAPFVGR MSAQESTPIM NGVTGPDGED YSPWADRKAA QPKSLSPQS360  
 10 QSKLSDSYSN TLPVRKSVTP KNSYATTENK TLPRSSSMAA GLERNRMRV KAIFSHAAGD420  
 NSTLLSFKEG DLITLLVPEA RDGWHYGESE KTKMRGWFPF SYTRVLDSGD SDR LHMSLQQ480  
 GKSSSTGNLL DKDDLAIPPP DYGAASRAFP AQTASGFKQR PYSVAVPAFS QGLDDYGARS540  
 MSSADVEVAR F 551

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 283

15 (A) LÄNGE: 185 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF  
 (iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 283:

AGEAAGQPGS PPSHQLAKCP PLTQGYPR LH GHVTRGVYPQ EAAPQPWAAQ PLGLALQGPA 60  
 PHSARPCLEQ LGSSPGQTQV GQDQAAGAWM FSTQERTDDD RTGYMGRAGE ATRWAALQMW120  
 35 PSAEEGGRPV VGHCRQLQDV GKGI LTLVRR LRIWPLPHRR CSWTALHSHP GPGRRRRARPH180  
 CRASA 185

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 284

40 (A) LÄNGE: 518 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF  
 (iii) HYPOTHETISCH: ja

50 (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 284:

SGGSESGHFH IGAAGHPRSI VIQALGEGGH GHTVGPLLEA AGRLGEGPG GGAVIGGWDG 60  
 QVVLVQEVAR AAALPLLQAH VQPVTAIAVQ DPGVGEGKPA PHLGLLTLSV VPAIAGLRHQ120  
 5 QGNEVTLLA QEGAVVPSSV GEDGLHPHTA IALQAGCHGA RARQSLVLGG GIAVFWGHAL180  
 AHGECVGVGV AELALRLRRR QGFGLGSLAV SPRAVVLAIR ACDVHDGCA LLGRHPPHER240  
 CQLGGHRQGL GPRNGVGNDQ VGLGGRQGAG EGGAVAGHLL HELHRALRDL AGVGTGLLPQ300  
 RQLLRQQLLA LGVVGRGVLG HGALLLHQA EAPALLCQCG LVAVGHVILQ LALLVADGVD360  
 VLQLLVRVLL RILAALALLP KLLQLSLTLV QGVAFAPLLS LVFLQRSTQI PGVQLHLLQ420  
 10 LRKQLVVKRL QHFFQLILD L PVD FSHLEEN VSEFFGALAL AGQLPHLHQG VKVAFGCIRH480  
 TCQCLLVILP HGDEVPEARV ELLHDGLIDI FREPVHLL 518

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 285

15 (A) LÄNGE: 217 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 285:

30 VREAARREQR YEQQGEASP QRTWEQQQEV VSRNRNEQES AVHPREIFKQ KERAMSTTSI 60  
 SSPQPGKLRS PFLQKQLTQP ETHFGREPAA AISRPRADLP AEEPAPSTPP CLVQAEAEAV120  
 YEEPPEQETF YEQPPLVQQQ GAGSEHIDHH IQQGGLSGQG LCARALYDYQ AADDTEISFD180  
 35 PENLITGIEV IDEGWWRGYG PDGHFGMFPA NYVELIE 217

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 286

40 (A) LÄNGE: 162 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

50 :

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 286:

AGASGRLWLP SAFICLFSFS LASKGWWPPL FRMTLGNSER RELFLAEFVT KVRVDHGGLA 60  
 AGNLSWSSL CAPHISLSSL CLGYGKWGCR WPSSHPGYSK TADTTCSSTR LTRCLQAPVC120  
 ASTDSDFRKS NTEWPWPVVF PYFLSQLIRV SEEQICFWTK KK 162

5

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 287

(A) LÄNGE: 173 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

10

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

20

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 287:

LLACRGWPGR RWHEELNSGK VMYAFCRVKD PNSGLPKFVL INWTGEGVND VRKGACASHV 60  
 STMASFLKGA HVTINARAE E DVEPECIMEK VAKASGANYS FHKESGRFQD VGPQAPVGSV120  
 25 YQKTNVSEI KRVGKDSFWA KAEKEEENRR LEEKRRAEEA QRQWSRSAGS VSA 173

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 288

(A) LÄNGE: 597 Aminosäuren

30

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

40

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 288:

45 ECKGQYIQKG YSKLKIYNCE LENVAEFEGL TDFSDFKLY RGKSDENEDP SVVGEFKGSF 60  
 RIYPLPDDPS VPAPPRQFRE LPDSVPQECT VRIYIVRGLE LQPQDNNGLC DPYIKITLKG120  
 KVIEDRDHYI PNTLNPVFGF MYELSCYLPQ EKDLKISVYD YDTFTRDEKV GETIIDLENR180  
 FLSRFGSHCG IPEEYCVSGV NTWRDQLRPT QLLQNVARFK GFPQPILSED GSRIYGGGRD240  
 YSLDEFEANK ILHQHLGAPE ERLALHILRT QGLVPEHVET RTLHSTFQPN ISQGKLQMWV300  
 50 DVFPKSLGPP GPPFNITPRK AKKYILRVII WNTKDVLDE KSITGEEMSD IYVKGWIPGN360  
 EENKQKTDVH YRSLDGEVNF NWRVFPFDY LPAEQLCIVA KKEHFWSIDQ TEFRIIPRLI420  
 IQIWDNDKFS LDDYLGFELE DLRHITIIPAK SPEKCRDLM I PDLKAMNPLK AKTASLFEQK480  
 SMKGWWPCYA EKDGARVMAG KVEMTLEILN EKEADERPAG KGRDEPNMNP KLDLPNRPET540

SFLWFTNPCK TMKFIVWRRF KWVIIGLLFL LILLFVAVL LYSLPNYLSM KIVKPNV 597

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 289

- 5 (A) LÄNGE: 120 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 289:

20

DQHSCFKMSP DSKASHNPSF PKMGVESDME DETTAWMNLK PTKSCTSTSG PLKSGLLFTS 60  
 SGLRGWSLST WKQGLCTAPS SPTFFRENFR CGWMFSPRVW GHQALLSTSH PGKPRNTTCV120

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 290

25

- (A) LÄNGE: 289 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

- (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 290:

40

ETQVVIQRKL VIVPYLNDQP GWDSKFRLVN TPEMLFFRND TELFGWKVVK RENKSPVKIP 60  
 FTIQRSVMDI CFLFVFFIAR NPAFDVDVTH FLSCDAFLVQ DNVLGVPDDH TQVVFLGFPG120  
 CDVERRAWWP QTLGENIHPH LKFSLGNVGL EGAVQSPCFH VLRDQPLSPE DVKSKPLFRG180  
 45 PEVLVQDFVG FKFIQAVVSS SISDSTPIFG KDGLWEAFES GDILKQLCWS QLISPGIDSR240  
 NTVLLWYAAV GPKAGKESVF QINNCFSYFF IPGKGVIID RNFQVFFLR 289

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 291

- 50 (A) LÄNGE: 201 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein



- (C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 291:

```
GTGDGSKEIN IVWGIQVPIF HNGPWVSTNH PVARFPPTS LASEGIIVPS TSTIRGMGVW 60
RASCGDCRAD STSSIAQDRG PGLTIGHQAL GSLVWVGESW GQTWGEYLG PRWLGWDLDR120
QSWALSISEE VVKRDFLFH FLNFLCMLVE DMFAHKLRTL EFLATERTQP LILAQFLRVG180
GDELLHFLW VFAPHLGLF L 201
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 292

(A) LÄNGE: 171 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 292:

```
SVIFFKIGFC EGRLVGRGGV PGSEAQSCVL SSSVWISLAA SLMSLRITCL CWVMPLMLRT 60
RRVRSLETPG LSSHRRRMF CRFQQISLML TLRKVTQPR RKNLLSGWGS ESATRIKPGY120
LLQREMISAR EMLGAMLRMK REQVLCSGRG LHSSPAASLG FSHSSSLGFS F 171
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 293

(A) LÄNGE: 485 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 293:

10 EKEKPKEEW EKPDAAGLE CKPRPLHKTC SLFMRNIAPN ISRAEIISLC KRYPGFMRVA 60  
LSEPPQERRF FRRGWVTFDR SVNIKEICWN LQNI RLRECE LSPGVNRDLT RRVNRINGIT120  
QHKQIVRNDI KLAAKLIHTL DDRTQLWASE PGTPLPTSL PSQNPILKNI TDYLIEEVSA180  
EEEELLGSSG GAPPEEPPKE GNP AEINVER DEKLIKVL DK LLLYLRI VHS LDYYNTCEYP240  
NEDEMPNRCG IIHVRGPMPP NRISHGEVLE WQKT FEEKLT PLLSVRESLS EEEAQKMGRK300  
DPEQEVK FV TSNTQELGKD KWLCP LSGKK FKGPEFVRKH IFNKHAEKIE EVKKEVAFFN360  
NFLTDAKRPA LPEIKPAQPP GPAQILPPGL TPGLPYPHQT PQGLMPYGQP RPPILGYGAG420  
15 AVRP AVPTGG PPYPHAPYGA GRGN YDAFRG QGGYPGKPRN RMVRGDPRAI VEYRDL DAPD480  
DVDFD 485

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 294

20 (A) LÄNGE: 368 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 294:

ESSGFQAIGR AEDDARSCWV KTSESTRPYQ LLRRRRPTLI TYRIFRHHRRH KDTSSGDHLT 60  
CRLDPQAKDL KDGTQEEATK RQEAPVDPRP EGDQRTVIS WRGAVIEPEQ GTELPSRRAE120  
VPTKPPLPPA RTQGT PVHLN YRQKGVIDVF LHAWKGYRKF AWGHDELKPV SRSFSEWFGL180  
40 GLTLIDALDT MWILGLRKEF EEARKWVSKK LHFEKDVDVN LFESTIRILG GLLSAYHLSG240  
DSLFLRKAED FGNRLMPAFR TPSKIPYSDV NIGTGV AHPP RWTSDSTVAE VTSIQLEFRE300  
LSRLTGDKKF QEAVEKV TQH IHGLSGKKDG LVPMFINTHS GPVSPTWGVF HGGAPGADSL360  
LLSYL FER 368

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 295

45

(A) LÄNGE: 94 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 295:

10 ALRSPPRMRI VLSNRLTSTS FSKCNFFDTH FLASSNSFLR PKIHMVSSAS ISVRPRPNHS60  
LKDLDTGFSS SWPHANLRYP FHACRKTSIT PFWR 94

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 296

15 (A) LÄNGE: 94 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 296:

30 LLRHPLPGFL KFFPQTQDPH GVQRVDQCET EAKPLTEGPG HRLQLVMAPC KLAVSFPCM60  
EDVNHALLAI VQMHWCALCP GRWQGRLLGGH FCSS 94

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 297

35 (A) LÄNGE: 146 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 297:

SGPLLAGPAT LTGRMSEVRL PPLRALDDFV LGSARLAAPD PCDPQRWCHR VINNLLYYQT 60

NYLLCFGIGL ALAGYVRPLH TLLSALVVAV ALGVLVWAAE TRALCAAAAA ATLQPAWPQC120  
 LPSASWCSSG RAALAPSCSA SPGRCF 146

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 298

5

- (A) LÄNGE: 152 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 298:

TQRHSHPPFS MLIPKLGPGA RHSQILNPGP KLFQTPPYLP TQVKTLNLE LRTQVFHAPV 60  
 WMESGILTVG PLVQVIPTLT SPICLPALL RHFAPHPNVP HHRQPRGEVG TGLSREWGVI120  
 VSVAATIKPV ASLMPKKKKK STGRKYSSSS RP 152

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 299

- (A) LÄNGE: 172 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

40 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 299:

RTTTTTIFAA GRLLLLFWHE RCNRLYCCSN TNIYAPFAE ACPHLTPWLS MVWNIGVRGK 60  
 MPKQSWREAN GTGEGRDHLD QGSNSQDTRL HPHRGMEHLG SEFKIWQCLD LGWKVWGWE120  
 KLWSRVQDLR VPCSRPQFGD EHGEWGMGVS LGSQFEIGHG CSGLKPQFWG WM 172

45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 300

- (A) LÄNGE: 178 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein

50

- (C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 300:

WFWRESYWQT IKVDLQVEHP YQFLLKYAKQ LKGDKNKIQK LVQMAWTFVN DSLCTTSLQ 60  
WEPEIIAVAV MYLAGRLCKF EIQEWTSKPM YRRWWEQFVQ DVPVDVLEDI CHQILDLYSQ120  
GKQQMPHHTP HQLQQPPSPE PPTPLPGPCG CWASHLKEGK VVQPEPVEQC PVWPPKPK 178

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 301

(A) LÄNGE: 113 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 301:

CISQDVCANL KYKNGPPNPC IGDGSSSLFK MSRSTFWKTS ATKSWIFTHK ENNRCLITPP 60  
ISCNSPHLLS LPPRCLGPVV AGPPTSRRGR LYSPNPWSNA LSGLQNQNKT GSL 113

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 302

(A) LÄNGE: 90 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 302:

GGRPSNHRAQ AAGWEAQEMG AVAADGGCDE ASVVFLVSKD PGFGGRCLPK RRPGLHEQTA60  
PTISYTWVWR SILVFQICTN VLRDTSLLLL 90

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 303

(A) LÄNGE: 158 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

15

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

25 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 303:

TQVMVQSMFA PTDTSDMEAV WKEAKPEDLM DSKLRVFEF PAENDKPHDV EINKIISTTA 60  
SKTETPIVSK SLSSSLDDTE VKKVMECKR LQGEVQRLRE ENKQFKEEDG LRMRKTVQSN120  
SPISALAPTG KEEGLSTRLL ALVVLFFIVG VIIGKIAL 158

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 304

35

(A) LÄNGE: 112 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 304:

50

VNKALPFISK ALGQSVNTRL SLMTSTSDAA TVQFLWASDS VHQSQGADGL DRTEDESSL 60  
GREWATWGLL CGADRTPOHA GLQLPKGQH QARKGVILRE VIQHHVPRPT NV 112

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 305

- 5 (A) LÄNGE: 105 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 305:

20 FKGKTCMSS YINFFLHMVM INLNPMIWWI HQSNLPSCAC YLYKAIFPII TPTIKNKTTR 60  
AKSRVLRPSS FPGANAEMG LLLCTVFLIR SPSSSLNCLF SSRSL 105

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 306

- 25 (A) LÄNGE: 126 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 35 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 306:

40 RPPQRTLRRHS AQLGAAPAAL PQPLWELPRA HGSQRQPGPG EAADHAEQER EEAAERPGSS 60  
PEEGQEGSGA FGGHTGHRAC ARCLGRGALG GRIPCGLLCQ LFRDGCPCAD SEVQHIIHQH120  
WQQLLP 126

45

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 307

- 50 (A) LÄNGE: 240 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 307:

NVGRCEAQA RAGAASLNAS LDGLHNALFA TQRSLEQHQR LFHSLFGNFQ GLMEANVSLD 60  
LGKLQTMLSR KGKKQQKDLE APRKRDKKEA EPLVDIRVTG PVPALGAAL WEAGSPVAFY120  
ASFSEGTAAAL QTVKFNTTYI NIGSSYFPEH GYFRAPERGV YLFAVSVEFG PGPGTGQLVF180  
15 GGHRTPVCT TGQSGSTAT VFAMAELOKG ERVWFELTQG SITKRSLSGT AFGGFLMFKT240

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 308

20

(A) LÄNGE: 123 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

30

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 308:

KAGIEGHRGS CLPERRAOGT WHRCPDPYVH QRLRFLVPL PGSFQVFLLL LPFPAQHGLQ 60  
LPQVQADVGF HEPLEVPKEA VEEPLVLLQA ALSGEECVVE AVKGGVEGGG PGPGGLAAP120  
PDI 123

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 309

(A) LÄNGE: 84 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

45

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:



## (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 309:

5

PTTTLVIPLF FLSSRK RKQK DSFQTALCSL HCSFPKQAAS TGKAHVVTYP FSEVLLFHGV60  
TLLSESKFRK QVLPLADKNH TSFL 84

10

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 310

(A) LÄNGE: 128 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

15

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

25

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 310:

CDRVPLFLSY WCAVADSWLT ASSVSHVKGI LSPQPTCAP PGPANCFNF FFFFFFFLVET 60  
GSPSVAQDGL ELLGSSNPPT LASQSAEITG MSHYAQPEQD DLNLINSTPK QQLSLSQGCQ120  
30 GGLCEGKD 128

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 311

(A) LÄNGE: 96 Aminosäuren

35

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

45

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 311:

WVAGRRHLLS VQTKSLQVLG LDLCVTPESQ CIRYLYKKLV WFLSAKGKTC FLNLLSDNKV60  
TPWKRRTESEK YGVTTWAFPV LAACFGKLQC RLQRAV 96

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 312

- 5 (A) LÄNGE: 57 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

15 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 312:

20 ISTSIAALWL PGGQDAGGGA LWPLCGSRGL CVSDRFPGNF RARLTSWKFK YSIALEF 57

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 313

- 25 (A) LÄNGE: 52 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

35 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 313:

40 SAHQLQHCGY QGVRMRAVEP SGLCVVAEDS VSATVFRETS GRDSHLGNSN TQ 52

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 314

- 45 (A) LÄNGE: 43 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 314:

10 NSRAIEYLN F QDVSLARKFP GKRSLTQSPR LPHKGQRAPP PAS

43

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 315

15 (A) LÄNGE: 247 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

25 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 315:

30 GSSGSRFEVV VVLEERRGGR GRGMGRGDGF DSRGKREFDR HSGSDRSGLK HEDKRGGSGS 60  
HNWGTVKDEL TESP KYIQKQ ISYNYSDLQ SNVTEETPEG EEHHPVADTE NKENEVEEVK120  
EEGPKEMTLD EWKAIQNKDR AKVEFNIRKP NEGADGQWKK GFVLHKSSE EAHAEVSVMD180  
HHFRKPANDI TSQLEINFGD LGRPGRGGRG GRGGRGRGGR PNRGSRTDKS SASAPDVDDP240  
EAFPALA 247

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 316

40 (A) LÄNGE: 75 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

50 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 316:

FMKNKSLPL PISTFIWFS IKFYFCPVL LNSLPLIQSH LFWTLLFYLF NFILLIFSVC60  
 HWMMEFTFRC FLSHI 75

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 317

- 5 (A) LÄNGE: 78 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 317:

20 SFGILKHAKA LNRRVHKGTR VVLWHPVKPE LGMPLGHPHQ EQKHLTCRSC CHGLGAHHAH60  
 VHLVLPCHRV LGGQGLQN 78

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 318

- 25 (A) LÄNGE: 235 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 35 (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 318:

40 LHLGAQRALA PGLFRLQGML RALLGRQLFR ARGPPVVREP LPRTRLAVR HVWPPCDRPL 60  
 RVGPGSPLPP GPLMHMLPA PAHQGVLPGA RRQALLPALL PEALRLTARS ARPLPRRPRP120  
 PGKAGSSRP GLALRAGGPT HWRAPPLRYE ESSGVKFRNG PARPKPTRPQ SGLHTDKNSR180  
 45 AGLHSIPTLE GAPLLGEGPC NSSESEARPG RPCSLHPCSH VHFYLLHKHT HSTSK 235

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 319

- 50 (A) LÄNGE: 478 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 319:

GSRPSPCSPR ATGPRPAMED LDALLSDLET TTSHMPRSGA PKERPAEPLT PPPSYGHQPQ 60  
 TGSGESSGAS GDKDHLSTV CKPRSPKPAA PAAPPFSSSS GVLGTGLCEL DRLLQELNAT120  
 15 QFNITDEIMS QFPSSKVASG EQKEDQSEDK KRPSLPSSPS PGLPKASATS ATLELDRLMA180  
 SLSDFRVQNH LPASGPTQPP VVSSTNEGSP SPPEPTGKGS LDTMLGLLQS DLSRRGVPTQ240  
 AKGLCGSCNK PIAGQVVTAL GRAWHPEHFV CGGCSTALGG SSFFEKDGAP FCPECYFERF300  
 SPRCGFCNQPI IRHKMVTALG THWHPEHFCC VSCGEPFGDE GFHEREGRPY CRRDFLQLFA360  
 PRCQGCQGP I LDNYISALSA LWHPD CFVCR ECFAPFSGGS FFEHEGRPLC ENHFHARRGS420  
 20 LCATCGLPVT GRCVSALGRR FHPDHFTCTF CLRPLTKGSF QERAGKPYCQ PCFLKLFG 478

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 320

(A) LÄNGE: 285 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

25

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

35 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 320:

EQGLGVWRTR LFREGAASGG EGEPSGLSAE ELQEAGLAVG LAGALLEGPL GERAQAEGAC 60  
 40 EVVRVEAATQ GRHAAAGHRE ATRGAQRAAS CVEVVLAQRA ALVLEKAASR EGREAFPADE120  
 TVRVPERAER RDVVIQDQAL AALARGEQL QEVPAAVGAA LALVETLISE GLPATDAAEM180  
 LWVPVSAQGG HHLVSDGLVA EATSWREALK VALGAEGGSI LLEEAAASQG GGTASANEVL240  
 GVPGAAQSRH HLPSNRFIAG ATEAFGLGNN TPAAEVGLQQ PQHGV 285

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 321

45

(A) LÄNGE: 99 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

5 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 321:

10 GLHLQPLLWR QSTEEEVREE GQALTEPKSC GAQGGAQHRG LTPCPTGNGL GLAQP KIPAL60  
SNSWRVDSVL ACLVSSDIFH TVEQNHQPCT DVTLCRKRP 99

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 322

(A) LÄNGE: 99 Aminosäuren

15 (B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

25 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 322:

30 ETQSSQRLTC PRSLGLDLSL RLRLQNPHSI CYISQGWGQG SCEQKEYQL LKGLGFVGRA60  
RQGQRGIQNK GASTSAWDGP IHSGRGCGVS PVLNRHLAS 99

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 323

(A) LÄNGE: 83 Aminosäuren

35 (B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

45 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 323:

50 SNPKAPVSMW VKGPTMGTYT QEDESSLASE SDCLPQTPPQ NRLLSHLPLH SDKTQAHIPG60  
PGVFACICID GNAGPAKAFF YIK 83

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 324

- 5 (A) LÄNGE: 111 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

15 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 324:

20 VFPTVLRGVL VPSSVTSKPG LIVPIGDEGG MRRSHLQLLS VERTSGTEKN RGPHGSLEGR 60  
GTRVGELIAE RRDVQRPSAP LSWDVNRIFP STPSLPPVLP LFFFPSIKRC I 111

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 325

- 25 (A) LÄNGE: 272 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

35 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 325:

40 SSRASGITRA ARPCPAKNEG PSKAFVNCDE NSRLVSLTLN LVTRADEGWY WCGVKQGHFY 60  
GETAAVYVAV EERKAAGSRD VSLAKADAAP DEKVLD SGFR EIENKAIQDP RLFAEEKAVA120  
DTRDQADGSR ASVDSGSSEE QGGSSRALVS TLVPLGLVLA VGAVAVGVAR ARHRKNVDRV180  
SIRSYRTDIS MSDFENSREF GANDNMGASS ITQETSLGGK EEVATTEST TETKEPKKAK240  
RSSKEEAEMA YKDFLLQSST VAAEAQDGPQ EA 272

45 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 326

- 50 (A) LÄNGE: 241 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 326:

TLVFGRLRTK PFRIPGFLQR KRRWQIQEIK PMGAHLWIP AALRNKVEAP ERWSPPWCPW 60  
 AWCWQWEPWL WGWPEPGTGR TSTEFQSEAT GQTLACQTSR TPGNLEPMTT WEPLRSLRRH120  
 PSEKKSLLP PLRAPQRPKN PRRQKGHPRR KPRWPTKTSC SSPAPWPPRP RTAPRKPRRC180  
 15 RRLLPAPMTI TFRIMSILGP SAPGDPTPCS NTCLGFSYCP QRRAGPLLSG IKAWPNCYSW240  
 G 241

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 327

20

(A) LÄNGE: 121 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

30

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 327:

AVVRVTWYKG EGITLPPVLT PALVRGESIP IRLFLAGYEL TPTMRDINKK FSVRYYLNLV 60  
 LIDEEERRYF KQQEVVLWRK GDIVRKSMH QAAIASQRFE GTTSLGEVRT PSQSLDNNCR120  
 Q 121

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 328

40

(A) LÄNGE: 140 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH



:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 328:

5 GETRVHSQQG GGIKAPSWDW FFREPGPLVK GLLGHVKQYL EQPRPWGYQV ERREGRRLLPC 60  
THLPWWAGFS LLGSTLPSPV HDTDPRASPC PRPSYRLLFQ DITDNPERME KGGAWVPAVS120  
GQKEVACGNL RSPHPRFPKR 140

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 329

10 (A) LÄNGE: 127 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 329:

25 VFPCHLVGAG PTPATTSGTA KGSTRCDYPG PCWQLRIPGT CSDPVSGSSE SQEPRMRALC 60  
SPSSKTQGSF PRKGAHVPQR GWLPGCYLFY PTSAAESQGE TASHPKPLGF SREKNLSQKH120  
DLFSGCK 127

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 330

30 (A) LÄNGE: 418 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 330:

45 GSTSTKNTKI SQACGVIVEL IKSCKMAGGA VLLAGPPGTG KTALALAIQA ELGSKVPFCF 60  
MVGSEVSTE IKKTEVLMEN FRAIGLRIK ETKEVYEGER TELTPCETEN PMGGYGKTIS120  
HVIIGLKTAK GTKQLKLDPS IFESLQKERV EAGDVIYIEA NSGAVKRQGR CDTYATEFDL180  
50 EAEYVPLPK GDVHKKKEII QDVTLDLDV ANARPOGGQD ILSMMGQLMK PKKTEITDKL240  
RGEINKVVNK YIDQGI AELV PGVLFVDEVH MLDIECFTYL HRALESSIAP IVIFASNRGN300  
CVIRGTEDIT SPHGIPLDLL DRVMIIRTML YTPQEMKQII KIRAQTEGIN ISEEALNHLG360

EIGTKTTLRY SVQLLTPANL LAKINGKDSI EKEHVEEISE LFYDAKSSAK ILGLTRQG 418

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 331

- 5 (A) LÄNGE: 142 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 331:

20

VPQCGLGANL PQVVQCLLTD VDSFRLGTDF NDLFHFLWSI QHGPDYHHSV QKVKRDAVRG 60  
CDVLSASDDT VASVGCKDDD GSDRRLQGAV QVGEALNVQH VDLINKQHTR DQLSNALVDV120  
LVHHLINLPS KFVCDFCLLW LH 142

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 332

25

- (A) LÄNGE: 124 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 332:

40

LAHHGQDILS PLGPRISHIQ VMQGHILDDF FLFVHIPFWQ GDILFSFKVE FCGIGITPAL 60  
PLHGPTVGFN VNHISFYSL FLQTFKNAGV QFQLFGSFGC FESYDHMANG FAISSHGILC120  
LTRS 124

45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 333

- 50 (A) LÄNGE: 176 Aminosäuren  
(B) TYP: Prot in  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: lin ar

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 333:

QAMGKKQKNK SEDSTKDDID LDALAAEIEG AGAAKEQEPQ KSKGKKKKEK KKQDFDEDDI 60  
LKELEELSLE AQGIKADRET VAVKPTENNE EEFTSKDKKK KGQKGKKQSF DDNDSEELED120  
KDSKSKKTAK PKVEMYSGSL TNFLKKLKGG LKNQIRSGMG QRRMRITVKK LKSVQE 176

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 334

(A) LÄNGE: 193 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

20

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

30 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 334:

35

RFKIKKCKT ESGNVLWEFN KLPKKAKGKA QKSNNKWDGS EEDEDNSKKI KERSRINSSG 60  
ESGDESDEFL QSRKGQKKNQ KNKPGPNIES GNEDDDASFK IKTVAQKKA EKKERERKKRD120  
EEKAKLRKLK EKEELETGKK DQSKQKESQR KFEEETVKSK VTVDTGVI PA SEEKAETPTA180  
AEDDNEGDKK NER 193

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 335

40

(A) LÄNGE: 118 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 335:

5 ETVAFARPF PSLSFPPLS SFLFLIFRS FCLLHCHLLQ LWESLLSLQR QELLQYQQL 60  
WILQFLQLIS FEIPFVYSDP FYLFTLLFL SASAVSLFLH LAFFSRAPSF LPSFGPLS 118

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 336

10 (A) LÄNGE: 230 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 336:

25 LQRLPPGAE RPAHLCTGPG GEDGAGGRVP GTRPQRPPAL QRAEDGRQGG LRVAGTAGPP 60  
PGVPLRPGQG GSGHQEQGAS HPGSLDQGLT GAKRPQGCPA CGRRPPCVGG VPGSAHRPQP120  
EGAALRRGRS RLQQAGPCCC RVLWLRCHP AGLPRRPPAA DPGARAAAGG RHVLCRSPH180  
PGLRPPLPQW GLLRPEGGCL CVPVSRGILR TALREGAGGE VSGGRGYLGL 230

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 337

30 (A) LÄNGE: 416 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 337:

45 QDGS GPFLAD FNGFSHLELR GLHTFARDLG EKMALEVFL ARGPSGLLLY NGQKTDGKGD 60  
FVSLALRRR LEFRYDLGKG AAVIRSREPV TLGAWTRVSL ERNGRKALR VGDGPRVLGE120  
SPVPHTVLNL KEPLYVGGAP DFSKLARAAA VSSGFDGAIQ LVSLGGRQLL TPEHVLQVD180  
50 VTSFAGHPCT RASGHPCNG ASCVPREAY VCLCPGGFSG PHCEKGLVEK SAGDVTLAF240  
DGRTFVEYLN AVTESEKALQ SNHFELSLRT EATQGLVLWS GKATERADYV ALAIVDGHQ300  
LSYNLGSQPV VLRSTVPVNT NRWLRVVAHR EQREGSLQVG NEAPVTGSSP LGATQLDTDG360

ALWLGGLEL PVGPALPKAY GTGFVGCIRD VVVGRHPLHL LEDAVTKPEL RPCPTP 416

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 338

- 5 (A) LÄNGE: 241 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 338:

20 NQHMKNNTAMA RPRYPGRRQR STPSHSELLS IAPRRWGVV EGYGHVQGGW AGPAEGQDTQ 60  
IGPGLASAPQ QPGLAQAARE QRRVPSSNI VWKSQYWRRR PRQGPEHTQE GAAQIGAWKG120  
PVGSPGGRAP SDLSSPFLSG TRVPPD GARV IQEPGLLP GG DTVGQAQCKA GAQHLEAGVC180  
VLRLPSTPSP PRCHLACPSL STRSVCSTAA WTEGRPGQQS LRPTLRQENH IKKRQVYKNR240  
25 K 241

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 339

- 30 (A) LÄNGE: 79 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 339:

45 LLQPQGEPPP GNPPMSTRGQ EATVLRTPEN LAGELFLVHP SLQLYLCPAD NVKDWSKVVL60  
AYEPVWAIGT GKTATPQQG 79

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 340

- 50 (A) LÄNGE: 62 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 340:

FPVGVVLQSCQ YQWPTQAHRP GRPCSSPSRY LQGRDTAGGK GEQERALQPG SPEYEERWPP60  
AP 62

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 341

15

(A) LÄNGE: 80 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 341:

SLLGCCSLAS TNGPHRLIGQ DDLAPVLHVI CRAEIQLEGR VNKKESSQV LRSTKNGGLL60  
PPSGHWGISR WHLPLGLEKS 80

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 345

(A) LÄNGE: 257 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 345:

KNLSQLEPRE NAKEEVRKER GMGWVAAGAA QLLSLLSTST ASDSSVISSS ACTSGLLP RR 60  
 RSPASPRSAH LHLGGLEHF HLALADLLDV EGEWHLVDR GLGARVHHVV GREGFAQLVP120  
 RRLQFLAPLG GHQARAQLVH ALLQGVPRLL QVFLGLEARL LQVLAGTHLG LLHLLLGEGE180  
 5 LEVVHAPQAL RLIRSARDSS ITSSTSTASS DESSSAAASS SGRSPSPSSS PSFSGSASDS240  
 FSDLMLSLA GSFTSSW 257

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 346

(A) LÄNGE: 237 Aminosäuren  
 10 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
 20 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 346:

25 KSRRRCQRRR ARSWARASGP RRTQRRWSFR RTRRWRLRRL LRSPAQSVSS AGPAARGRLQ 60  
 EGLLQGEDGE DQGAYPEPGE EDAPQDQGKP GEDAAHPGEA HEQAGHAPGA RRAARETEDV120  
 AGQVAQILHA RPRGVRLQD RGLQGATLHL PRQEDPRGPG GSAQGHDRGG GGRSGGRPAT180  
 CGAGAAPTCT RCWRSPRSRT PCWWTRATAT ERPPLPPTPF LAPSELPLSH SLSARAG 237

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 347

30 (A) LÄNGE: 263 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40 (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 347:

45 GRLPGYPDRR GPGASSAGAQ AAEEPSGAGS EELIKSDQVN GVLVLSLLDK IIGAVDQIQL 60  
 TQQAQLEERQA EMEGAVQSIQ GELSKLGKAH ATTSNTVSKL LEKVRKVSVN VKTVRGSRLER120  
 QAGQIKKLEV NEAELLRRRN FKVMYQDEV KLPKLSISK SLKESEALPE KEGEELGEGE180  
 50 RPEEDAAALE LSSDEAVEVE EVIEESRAER IKRRACGAWT TSRRPSPRRR WRRPRCVPAR240  
 TWRRRASRPR KTWRRRGTPW RSA 263

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 348

- (A) LÄNGE: 106 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 348:

SSGSSRFSS GSRRYASLY FCCAIEDQDN ELITLEIIHR YVELLDKYFG SVCELDIIFN 60  
FEKAYFILDE FLLGGEVQET SKKNVLKAIE QADLLQEEAE TPRS GS 106

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 349

- (A) LÄNGE: 78 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 349:

LFLMPQNKVR MVICQEFFIT VSYKKRVALF TVLCVKSLEK ARMFPLGYLL KLNLFCEPPL60  
RSAAHFTAAS FLSMALPS 78

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 350

- (A) LÄNGE: 65 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50



(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 350:

TCLHGLYFHL YMLGWIKLCC DCDQHS GHVS TVLSHRQLVV INVQRTKKKK GAASLGGITG60  
SGVKR 65

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 351

10

(A) LÄNGE: 196 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

25 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 351:

LPGLPLRQLG GVCHGHRPGL LLHQQHGGGA GAVQQPQREE EALHDPGQGS APAELCQFQQ 60  
HVPFRPLQQP QAVQEGGGAG AGQGLVLWQP GAGLQGVQPG DDGAPDLQHG DAAGDSHHDD120  
PAQELPAAEH RAQGPGGPRP ALRGGARSNC RVCLVQMCPE APEGSHQLMP ASDPQQGWFA180  
30 AAAQGEFVSD PGHHHH 196

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 352

(A) LÄNGE: 361 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

45 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 352:

50 SLASLSDSLG VSVMATDQDS YSTSSTEEEL EQFSSPSVKK KPSMILGKAR HRLSFASFSS 60  
MFHAFLSNNR KLYKKVVELA QDKGSYFGSL VQDYKVYSLE MMARQTSSTE MLQEIRMTMT120  
QLKSYLLQST ELKALVDPAL HSEEELEAIV ESALYKCVLK PLKEAINSCL HQIHSKDGSL180  
QQLKENQLVI LATTTDLGV TTSVPEVPM EKILQKFTSM HKAYSPEKKI SILLKTCKLI240

YDSMALGNPG KPYGADDFLP VLMYVLARSN LTEM LNVEY MMELMDPALQ LGE GSYLT T300  
 TYGALEHIKS YDKITVTRQL SVEVQDSIHR WERRRTL NKA RASRSSVQPL HLRVVP GARA360  
 A 361

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 353

5

- (A) LÄNGE: 161 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 353:

VDGFLQLQD TFEVQGRLYNC FELL LGVQGG VHQGLELGAL QQVALELGHH GANLLQHLRA 60  
 GGLARHHLQA VHLVVLHQAA KVRALVLRQL HHLLVQLAVV GEESVEHAAE TGKAQPVPSL120  
 AQDHGGLLLH AGAAELLQLL LRAAGGVGV L VGGHDRHPQA V 161

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 354

- (A) LÄNGE: 218 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 354:

SGRGPKYVID VEQPFSC TSL DAVVNYFVSH TKKALVPFLL DEDYEKVLGY VEADKENG EN 60  
 VWVAPSAPGP GPAPCTGGPK PLSPASSQDK LPPLPPLPNQ EENYVTPIGD GPAVDYENQD120  
 VASSWPVIL KPKKLPKPPA KLPKPPVGP K PEPKVFNGGL GREASSVSA QPLLSPQAGL180  
 GRHGRQSYRR SWEKRRGTGS MVSDTPGTSG LVPGRARW 218

45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 355

- (A) LÄNGE: 253 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel

50

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

5 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 355:

15 AGEGVDGLTQ ETPLKPVSQ L PGPAGAPTGR RGQAEDPGSV MASALRPPRV PKPKGVLPSH 60  
 YYESFLEKKG PCDRDYKKFW AGLQGLTIYF YNSNRDFQHV EKLNLGAF EK LTDEIPWGSS120  
 RDPGTHFSLI LRNQEIKFKV ETLECREMWK GFILTVVELR VPTDLTLLPG HLYMMSEVLA180  
 KEEARRALET PSCFLKVSRL EAQLLLERYP ECGNLLLRPS GDGADGVGHH AADAQRDARG240  
 PALQGEAGGA PST 253

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 356

20

(A) LÄNGE: 118 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 356:

LTTASREVQE NGCSTSITYL GPLPLHLVMP DHVRPVVHLP RGDRHRRRRP RWAAAAGSRT 60  
 RGSAPGAVVP PAGSPSGSTR VSPVHGAPPL WPRLQTSCIG AQEAGSSRSG HGAPPLR 118

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 357

40

(A) LÄNGE: 223 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:

## (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 357:

5

DHTCGCAGNL QEAIMLRSGV TSQGIHPGSP WCCTPTQAEI IVGDQSGAIH IWDLKTDHNE 60  
QLIPEPEVSI TSAHIDPDAS YMAAVNSTGN CYVWNLTGGI GDEVTQLIPK TKIPAHTRYA120  
LQCRFSPDST LLATCSADQT CKIWRTSNFS LMTLSIKSG NPGESSRGWM WGCASFSGDSQ180  
YIVTASSDNL ARLWCVETGE IKREYGGHQK AVVCLAFNDS VLG 223

10

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 358

(A) LÄNGE: 193 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

15

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

25

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 358:

30

FFFFFFFFFP EQHLRVGLLL LPPRLSPRPG PAWPVPNPVG WPGHLHQGGQ LLAGTNKPFH 60  
LAMVVVFSMD RGPETRAGRG REHTSLGVGT SLRPLSSFPG SADFPQRCRL AQSRSVQPG120  
GRALSHLDKQ LGAESPRAAW PSRSRRHRGP SGPVAQAGRG GSALTWVLHG SLQLPPPAPG180  
SPEGSQASPA HCH 193

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 359

35

(A) LÄNGE: 251 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

50

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 359:

PGCCMGPS SC HHLHQAVPRG HRLAQHTVIE GQADNSLLVA AILSLDLSSL HTPEPGQVVR 60

GSSDDVLGVP REGAAPHFAA GGLPGVAALD AQLRHQGEVG RPPDLARLIS RAGGEERGVG120  
 AEATLQGVAR VGRDLSLGDE LGHLVTNAPR QIPDIAVSGA IDSCHVAGVG IDVGGRDGD180  
 GLRDQLLVVV CFQVPDVSF ALVTHDELCL GWGAAPGTPR VNALGGHTGP QHDCFLQVTS240  
 TSACMILTSS C 251

5

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 360

- (A) LÄNGE: 50 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 360:

GNIPHSNLTD ASSPKRIKIV ACTDQENILG RMKYVCLFFF KNKGFWNSGE

50

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 361

25

- (A) LÄNGE: 59 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 361:

KGNQLYQGET RALGTMTRT AFILHSDCF QSSNDCQATS QMTDNFCCSF LYKMLRQQA 59

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 362

45

- (A) LÄNGE: 67 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 362:

DKILLSPRME CSGMIMAHCS LDLPGSHLSL PSSWDHRHVP PCPANFYFGR DKVSPCCLGR60  
FQTPGLK 67

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 363

15 (A) LÄNGE: 84 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 363:

MRRCIHPSHS LSGSRQTQSP LSHSASNGST TKVAQQMRRA AAVVGESTEE TRLGRALGAA60  
GFTNKQLSEN TAQGEEKRVM CLQN 84

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 364

35 (A) LÄNGE: 127 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 364:

CAYRTEKWKS HTVPCSPEVK LVLTALRAF SSMEPLGLGR KARVSAHRHT SYLQDIDCLC 60

RGSTGQPTAN TAASLVASL LPVHPGDYSW INLPKNSAFI MSLFCSKTQN GSLPPRGRPS120  
 HHCIPNR 127

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 365

- 5 (A) LÄNGE: 114 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF  
 (iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 365:

- 20 PYVHSPA WSP WGLVGR LVS HTDIPATFRT LIVSAEVALG SQLQTQQPPW FQLLSFQYIL 60  
 ETPGLIFLR TQHSLCHF SV RPKMAPCHL EADQVITVSP TASTVCIWYI VQAP 114

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 366

- 25 (A) LÄNGE: 30 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF  
 (iii) HYPOTHETISCH: ja

- 35 (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 366:

- 40 NLHSNIKVFF YNVPKISGPQ QAVFVPVFFN 30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 367

- 45 (A) LÄNGE: 44 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

- (ii) MOLEKÜLTYP: ORF  
 50

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

5 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 367:

10 KECMSEAQFL ATTLTGKNNC RGILQLIHTQ HLLHTVFTDS NLVG

44

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 368

(A) LÄNGE: 34 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

15 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

25 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 368:

30 NVDFRCKNML EIRFSAIKPN TKKIKKNVCQ KPNS

34

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 369

(A) LÄNGE: 147 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

35 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 369:

50 QPSSLLHHCP YPYPPRHLLA TPLLKPQLLA GSPAHLIS FLASPQRASR QHGGPSQRAG 60  
TLSCPLVELG GSSGGRGLCH GSADPTNRAA EPQERGEPA GDRRPLPEWG RVSLAESPGA120  
EFRCPGSLGE WGEIPEKESS AHPKTEE 147



## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 370

- 5 (A) LÄNGE: 244 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

15 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 370:

20 NHSCWQGPQL MPASSPFLLA PKGPPGNMGG PVREPALSA LWLSWGAALG AVACAMALLT 60  
 QQTELQSLRR EVSRLQGTGG PSQNGEGYPW QSLPEQSSDA LEAWESGERS RKRRAVLTQK120  
 QKNDSDVTEV MWQPALRRGR GLQAQGYGVR IQDAGVYLLY SQVLFQDVTF TMGQVVSREG180  
 QGRQETLFRG IRSMPSHPDR AYNCSYAGV FHLHQGDILS VIIPRARAKL NLSPHGTFLG240  
 FVKL 244

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 371

- 25 (A) LÄNGE: 185 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35 (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 371:

TPASWIRTPY PWACRPLPRL RAGCHITSVT SESFFCFWVS TALLFRDLSP LSQASRASEL 60  
 CSGRLCQGY SPFWEGPPVP CSRLTSLRL CSSVCWVSRA MAQATAPRAA PQLNQRATES120  
 AGSLTGPPML PGGPLGASKK GDEAGMSWGP CQQLWFQEWG SKEVAGRVRV RAVVQKGRRL180  
 LRKEK 185

45 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 372

- 50 (A) LÄNGE: 148 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

WO 99/55858

PCT/DE99/01258

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 372:

VLPHCASRYR RRARQTCAPS YTRSADLPSR TPPVEDLLEL SRAFWVGADG GGRVRVLGGT 60  
EAHEDGIPPE SMDHYADGHR PQHCHLGYRC HGRPQREGLP RCLKVPPVNL SSVSVFPFVT120  
HRAGMEFNGC SGQTLVHGQT SLLWILQD 148

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 373

(A) LÄNGE: 135 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 373:

CLPVRRLRQF EPKTPKVEAE FQSMGSRLSQ PFESYITAPP GTAAAPAKPA PPATPGAPTS 60  
PAEHRLLKTC WSCRVLGSLG LMGAGGYVYW VARKPMKMGY PPSPWTITQM VIGLSIATWG120  
IIVMADPKGK AYRVV 135

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 374

(A) LÄNGE: 152 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

50 :

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 374:

IPCLLCVSRG KGQRQKTDLS VVLSNNAVGL PFGVCHDNDT PGGNAEADDH LRNGPWTRGV 60  
 5 SHLHGLPCHP VHVPARPHQP QPRKHATAPA GLQQAVFCWG GRRSGCSWGR RFGGRGGGTG120  
 RRSIDIGLKRL GQPRPHALEL GLNLGRLWFK LA 152

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 375

(A) LÄNGE: 107 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 10 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH  
 20 :

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 375:

GAELQLRSCA MAVSQEGLDG EVKAPDARIF IPCANTAFTP DLQVLQQVLS SFTVSSPLFH 60  
 25 SGFICYTPNL FSQSTPQSLP CWGQHRKRQN LRKEKGNLQP AMDLMIP 107

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 376

(A) LÄNGE: 113 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 30 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH  
 40 :

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 376:

IPKNFYHNIH RSLYQLYLEV KQAWESIDCS ACPRVEALNK ATKTPFITDL TFQWPTGPGS 60  
 45 GOVGHQANHL FPCASLCKSW SVPLARPSLV QDLGPQTKES RGLGFPDPRM VSL 113

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 377

(A) LÄNGE: 124 Aminosäuren  
 50 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

5 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

10 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 377:

15 FGGPQAQPHS AVGSSLSSQI QVNLSFKNKG EPQTCSTTRD NNTPWQEDHV LDCLRTATVR 60  
QEACCDPLCS MPIAQASSIP YHLPPMLFFG TTTLAKREYG KQRPRALLQY RHFEVGRQHM120  
LHSK 124

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 378

20 (A) LÄNGE: 66 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

30 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 378:

35 HKIILISRYR RNSVVTQAI LYTPMILQRK HPSLLLPLW QLKICSSSTL KRRKRNNLSL60  
IPKLPH 66

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 379

40 (A) LÄNGE: 67 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

50 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 379:

5 PEKSPGAGPL LGGSPFFFFFF YVSKSTEFIL KHSIKFESHE TKASLHYMLI LAKSKDQHTI60  
DIHDNVV 67

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 380

10 (A) LÄNGE: 71 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

20 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 380:

25 FCIHFECLHV KTQLIYYFNI KPISFEAKLI LLFYKSNQDS FFRMLKAQCL RFMLAALLAL60  
LLPEMKTQN R 71

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 381

30 (A) LÄNGE: 107 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

40 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 381:

45 MDGAQGRLLP VSSRHSNLAL LKPTSRDLTA PPEGASLMTV GGITAPRDVQ VWNPRTWESV 60  
TLRGKRDPAP VLQFRISWWG DDRGWLRWAL SNHGGPYKGR GVTRVCA 107

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 382

50 (A) LÄNGE: 143 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

5 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

10 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 382:

15 EVENHTNLLS YSSRGQESKM VFTRLKSCQC GFVSPRRLWG RIQCLFQLLQ GPPHRLAPGL 60  
LAIFTARSFL ASCADPRDSP SLIRAPMITQ GPPQPSTVIS PPRNPELKHR RRVPFATQGN120  
TFPRPGVPNL DISGGCYSTH RHQ 143

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 383

20 (A) LÄNGE: 86 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

30 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 383:

35 SHTHAQLSNH GGVQEPPLPL GVPKPWGS DS GALS R PGCKL KTPGGFQNAQ CLGHNLDQLN60  
LNLQRDITAP QETPRGSQSA KPEETI 86

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 384

40 (A) LÄNGE: 123 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

50 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 384:

5 LEPIRFQQKV MEKETEKRIE EIEDAAFLAR EKAKQDAEYY AAHKYATSNK HKLTPEYLEL 60  
 KKYQAIASNS KIYFGSNIPN MFVDSSCALK YSDIRTGRES SLPSKEALEP SGENVIQNKEL20  
 STG 123

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 385

10 (A) LÄNGE: 83 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 385:

25 DNSCVRYVEA QQKSHGTTSR NLSAVRPVSL MTVCWLCQTL YLGKESPDNL GSFPWALSYP60  
 GICNMEKIIF HFCSFNSINS LYK 83

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 386

30 (A) LÄNGE: 88 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 386:

45 CLTFQCRQYL SIRLSSFMS SLENTYRIL DKTVAEKTIC VSDSWLYPPI SGAPRTIAGE60  
 VEQMKCKFSV NLKSPYNDCS HLPWATS 88

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 387

50 (A) LÄNGE: 105 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

5

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

10

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 387:

15

TCEPFRNPQV GKDPTPSLRI ICLAITGSWK CFLGCVKINQ GGMKHIFLAT KLEFLREQMQ 60  
RDLLLLLARLQ GPLWSHTEAV TGHKPRRARG SCAEAPGPLS GSFPS 105

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 388

(A) LÄNGE: 173 Aminosäuren

20

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

30

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 388:

35

AQESPWQLCR GARTSKRKLP KLGMEQHCNE MCPSSLFLP GAYKAQMYSD VWTNTKKKKK 60  
KKKKKAFLSH RHKTQIIYCY EALFTNGQFL HFIAACERLP DGRPISLVQ TSSQAIFYQK120  
GENSCLSLFK NAFLYLSIRH YTSELYKRP G TMSLVDTFH CSVAPFLAWE ASA 173

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 389

(A) LÄNGE: 105 Aminosäuren

40

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

50

(A) ORGANISMUS: MENSCH



:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 389:

5 TCEPFRNPQV GKDPTPSLRI ICLAITGSWK CFLGCVKINQ GGMKHIFLAT KLEFLREQMQ 60  
RDLLLLARLQ GPLWSHTEAV TGHKPRRARG SCAEAPGPLS GSFPS 105

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 390

10 (A) LÄNGE: 262 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 390:

25 RCPRRGREMD SGCWLFGEF EDSVFEEPE RRSPPASYC AKLCEPQWY EETESSDDVE 60  
VLTLLKKFKGD LAYRRQEQYQ ALQEYSSISE KLSSTNFAMK RDVQEQQARC LAHLGRHMEA120  
LEIAANLENK ATNTDHLTTV LYLQLAICSS LQNLKTIK LQKLISLHPF NPWNWGKLA180  
AYLNLGPALS AALASSQKQH SFTSSDKTIK SFFPHSGKDC LLCFPETLPE SSLIFCGRDT240  
30 RNGRKIGKFC KCANLVGERG TG 262

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 391

35 (A) LÄNGE: 66 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

45 :

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 391:

50 KPVLSPTRL AHLQNFPIFL PFLVSLPQKI KELSGKVSGK HKRQSFPECG KKDILIVLSLE60  
VKLCCF 66

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 392

- 5 (A) LÄNGE: 78 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

15 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 392:

20 QAGGRVPWLN GLCWLLYFPS LQQSPAPPYA YPGEPDTEPD LPGHPFSWQN WLMTIFQRYW60  
NTPAVLSDTL VVCRPGLL 78

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 393

- 25 (A) LÄNGE: 79 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 393:

40 TSLEGIDLQP SHLTIYTAAL KEKTPDFRRL SPRVSETADS RKVARGPREV MRDNPGRGGD60  
HRGLQAPGWM KEGRGWGV 79

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 394

- 45 (A) LÄNGE: 72 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 394:

VTTPPPSQIS SFLPPSTAPF TKPPIPDPPS STPAPGDPYD HPRARGCPAL QIGAHGRPYG60  
SPRSPRREER DV 72

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 395

10

(A) LÄNGE: 98 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

25 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 395:

PPPPPPKFHP SFRLLOPPLQ NPPSPTLLHP PRRLETPMIT PAPGVVPHYK SGPTGDLTGV60  
RGLRDARRET SEVWRLFLQG CCVDCEVGGL KINSLEGG 98

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 396

30

(A) LÄNGE: 80 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

45 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 396:

NWRQTVWQRV REGACQESS RPASGCRFLR CAIGASAFSG DRGSAVATNT QPHTNHHTHK60  
WGQPHPVQAF TNVISVLFYF 80

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 397

50

- (A) LÄNGE: 309 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 397:

YDNSSTCKKG KVFPKGISVT VSETFDPEEK HSMAYQDLHS EITSLEKDVF GTSVYGQTVI 60  
 LTVSTSLSPR SEMRADDKFV NVTIVTILAE TTSDNEKTVT EKINKAIRSS SSNFLNYDLT120  
 LRCDYYGCNQ TADDCNLGLA CDCKSDLQRP NPQSPFCVAS SLKCPDACNA QHKQCLIKKS180  
 20 GGAPECACVP GYQEDANGNC QKCAFGYSL DCKDKFQLIL TIVGTIAGIV ILSMIIALIV240  
 TARSNNKTKH IEEENLIDED FQNLKLRSTG FTNLGAEGSV FPKVRITASR DSQMNPYSR300  
 HSSMPRPDY 309

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 398

25

- (A) LÄNGE: 105 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 398:

40

QALIASTTFN VIDSYLASEL DSLQTFITSI QRGWQMSDGR KTPEARSLLV LTSPSVFLNT 60  
 LNNSLYIGWG FWRVPHSYDS NSQGGACCCV LNRDFASGCL WRPLS 105

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 399

45

- (A) LÄNGE: 75 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

5 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 399:

10 CFSCFVICSV SLCTLNIYPL CDKKKKKKKK SRTSTFDFSQ PQPRKNGSWD KQLVFSVSKTQ60  
IGHINATAFR SFDFFD 75

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 400

(A) LÄNGE: 70 Aminosäuren

15 (B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

25 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 400:

30 RKKAVCFMND LICFLDNTEK NNVLQAWWC VHLVPTIWEA EAGGSLEPRS LKLQCPVVP60  
VNNCTPAWAT 70

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 401

(A) LÄNGE: 69 Aminosäuren

35 (B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

45 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 401:

50

LVPQGSLLQT HPFVFFSFLE MRSRYVAQAG VQLFTGATTG HCSFKLLGSS DPPASASQIV60

GTRCTHHHA

69

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 402

- 5 (A) LÄNGE: 80 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 402:

20

PPLWVATVRN GCCHVEWTLF ANRSLPGFGN TSITSLLLFC RDKTFEVARP RTSKDSCYSA60  
TVYTAHLSYS HVLSSLVRLF 80

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 403

- 25 (A) LÄNGE: 81 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 35 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 403:

40

LTNMSDHLFG WLLLEMAVVM FSGLCQPTDP CQVLEILLP RCYFSAGIKL LRWPDPEHPR60  
IPVTVLQYTL LIYPILMCFL L 81

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 404

45

- (A) LÄNGE: 75 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 404:

VSHYPHSVSK PPKHQTKQMV VALTHSRLTS EFKWENTPYT TVIIPLWTLN ITYFLKIILL60  
KKKAHENRIN EQCIL 75

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 405

15

(A) LÄNGE: 328 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 405:

RYLNMGNLLK VLTCTDLEQG PNFFLDFENA QPTESEKEIY NQVNVVLKDA EGILEDLSY 60  
RGAGHEIREA IQHPADEKLQ EKAWGAVVPL VGKLKKFYEF SQRLEAALRG LLGALTSTPY120  
SPTQHLEREQ ALAKQFAEIL HFTLRFDLTK MTNPAIQNDF SYRRTLSRM RINNVPAEGE180  
35 NEVNNELANR MSLFYAETP MLKTLSDATT KFSSENKNLP IENTTDCLST MASVCRVMLE240  
TPEYRSRFTN EETVSFCLRV MGVVILYDH VHPVGAFKAT SKIDMKGCIK VLKDQPPNSV300  
EGLLNALRYT TKHLNDETS KQIKSMLQ 328

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 406

40 (A) LÄNGE: 115 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 406:

5    YYIHLIINFL LRLCRLGIFK IKEKIWPLLK VCACQNFKKI PHVKVPSASA GDSVLVLLSS 60  
 ARASRRSQSR SCALLDRRGG SSAALGGAPG PERGSGGSRT GSPSTPAPVA EPPQA        115

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 407

10    (A) LÄNGE: 100 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

15    (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20    (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 407:

25    QEPALALDAG WENMGYLLRL PEDLLMLLLT SEKIRKISLI CLLVEQLHPM PSLATSHLLD 60  
 AGLPLVFRGQ LLCMTASPPR CLLHLLILHS PDYKFPSQTL                    100

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 408

30    (A) LÄNGE: 116 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

35    (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40    (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 408:

45    TVLHSHLPSS CLPCLSTHSV KEPRGATSPR LCFPTACGMG VSSATAGLRC FHQPCRHLVL 60  
 HEEQTLRGWS GMGRSPLGGQ ALVPSRFPSL APGVHTAQSA PGGWKPPCFR SLGSPP        116

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 409

50

(A) LÄNGE: 132 Aminosäuren



- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 409:

15

SPDERCSIRT SPPRACPASP RTVLRSQEEP LRPDFVSPPP AAWVCPVPPL ASAASISLVA 60  
TWSFMKSRHL EAGREWGGRP WEGRRWFQAG SRPWRLECTQ PSRHLVAGSH PALDHSGPHL120  
RRVPALDQSR GH 132

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 410

- (A) LÄNGE: 142 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 410:

40 WKQRRPAVAL DTPMPQAVGK QSLGEVAPLG SLTLCVERQG RHEEGRCEWS TVHPGISQPE 60  
SPPSLAAPEH SLWPTATEMS ACQDTWRRKK TRHQKKLPPQ EQIELLDQGH TRSGRHPAPC120  
AQGKETQFNV WLLCSRETAT LP 142

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 411

- (A) LÄNGE: 244 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 411:

10 KRRGVRQFRW LVCTRRASPG AARSAPIAPA TGSGRRPNMD SAGQDINLNS PNKGLLSDSM 60  
TDVPVDTGVA ARTPAVEGLT EAEELRAE LTKVEEIVT LRQVLAAKER HCGELKRRLG120  
LSTLGELKQN LSRSWHDVQV SSAYVKTSEK LGWEKVTQ SDLYKKTQET LSQAGQKTS180  
ALSTVGSAIS RKLGDMRNSA TFKSFEDRVG TIKSKVVGDR ENGSDNLPSS AGSGDKPLSD240  
PAPF .244

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 412

(A) LÄNGE: 149 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

30 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 412:

35 LGHFLIPLSK FLRSFHIGAR DLHVMPAPGQ VLFQLPQGGE AQPPELSTV PLLGCQDLAQ 60  
SDNFLFHLGK LSPDLLLSL CQTLNSRSPG SHTCVDRNIR HGVRQQTfVR RIQVDILAGG120  
VHVRAASGPC RGRYGSRAGG AGRSSPRTH 149

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 413

(A) LÄNGE: 143 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

50 :

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 413:

5 ALETCTSCQL LDRFCFSSPR VERPSLLLSS PQCLSLAART WRRVTISSST LVSSALSSSS 60  
SASVRPSTAG VRAATPVSTG TSMESDSRP LLGEFRLISW PAESMFGRRP DPVAGAMGAE120  
RAAPGEARRV HTSQRNCLTP RRF 143

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 414

10 (A) LÄNGE: 105 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 414:

25 RGRGALWWAA KELRRTKKLS DYVGKNEKTK IIAKIQORGQ GAPAREPIIS SEEQQLMLY 60  
YHRRQEELKR LEENDDDAYL NSPWADNTAL KRHFHGVKDI KWRPR 105

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 415

30 (A) LÄNGE: 386 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 415:

45 AAELRDCGSR RISRSPSSNS HLSPRISLSG NLGPQTSRLG GPPSPSATWS VFWQLPRQQS 60  
LPGRGSANLL PSVRSESAVL SDCVGGFPGR SSVRAWIAGP RCTPASPTRV LSLSWRLFNS120  
ASLLLLATST SGSECRFPRS PRARERGIPD CERLLVRRSC WRSGDPRPAG PAGHAAGAFS180  
TPQYLGGTAM VLLHVKGDE SQFLLQAPGS TELEELTVQV ARVYNGRLKV QRLCSEMEEL240  
50 AEHGIFLPPN MQGLTDDQIE ELKLDKDEWGE KCVPSGGAVF KKDDIGRRNG QAPNEKMKQV300  
LKKTIEEAKA IISKKQVEAG VCVTMEVVD ALDQLRGAVM IVYPMGLPPY DPIRMEFENK360  
EDLSGTQAGL NVIKEAEHC GGQPRS 386

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 416

- 5 (A) LÄNGE: 182 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

15 :

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 416:

20 GVEKAPAAWP AGPAGRGSPD RQQLRRTNSR SQSGIPRSLA RGERGKRHSL PEVDVAKSNS 60  
 EAELKSRQLK LRTRVGEAGV HRGPAIQART ELRPGKPPTQ SERTADSSERT DGRRFADPLP120  
 GSDCCRGNCQ NTDQVAEGEG GPPNRLVWGP RFPLREIRGL RWELLDGERE IRREPQSRSS180  
 AA 182

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 417

- 25 (A) LÄNGE: 467 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35 (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## 40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 417:

45 HTLSRWTKHS IPRWNDARTD DTWHSELDNR KIGQARNTLM DMRLSQVSDS VSGQTVVDPK 60  
 GYLTDLNSMI PTHGGDINDI KKARLLLKSV RETNPHHPPA WIASARLEEV TGKLQVARNL120  
 IMKGTEMC PK SEDVWLEAAR LQPGDTAKAV VAQAVRHLPQ SVRIYIRAAE LETDIRAKKR180  
 VLRKALEHVP NSVRLWKA AV ELEPEDARI MLSRAVECCP TSVELWLALA RLETYENARK240  
 VLNKARENIP TDRHIWITAA KLEEANGNTQ MVEKIIDRAI TSLRANGVEI NREQWIQDAE300  
 ECDRAGSVAT CQAVMRAVIG IGIEEEDRKH TWMEDADSCV AHNALECARA IYAYALQVFP360  
 SKKSVWLRAA YFEKNHGTRE SLEALLQRAV AHCPKAEVLW LMGAKSKWLA GDVPAARSIL420  
 ALAFQANPNS EEIWLAAVKL ESENDEYERA RRLAKARTV PPPPGCS 467

50

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 418

- (A) LÄNGE: 352 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 418:

```
TPGRWGHCPRL LGQQPPGGLV LIILGLQLHG CQPDLLTVGV GLEGQQQDAP CCRHIPCQPL 60
GLGAHEPQHL CFGAVGHSP L QECFQGLPSA MVLLVVRGAQ PHTLLAGEHL QGVGVDSCT120
LQGIVGYTTV SILHPPMLPI FLLNPNPNHG THDGLAGGHT PSPVTFLGIL DPLLTVDLHT180
VGPQRGDGSV DDLHHLRVP IGFLQLSSRD PDMSVCRNVL PRLVQDLGI FIGLQPCQSK240
PELHAGGAAL HSSAQHDSSI FRFFQLNGCF PQANRVWNML EGFPKNPLLC TNVRFQLCGS300
DVNPDRLWEM TDSLGYHGLG CVPRLQPGCF QPDIFTLGAH LRPLHDKVPS YL 352
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 419

- (A) LÄNGE: 424 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 419:

```
PPGAPFFLFF FFLTRDIKTF NEGGHSSEPF HMRPNPAPRR PAMATAQSEG VLDAAGHQPK 60
DVPDLLLLPVG DVLGHGAPQL PMPRLCTLTA LPHLLLLLLS AMLQLKLVEE GPGIPQVRVN120
LHSAVEPLPG LGDLPLTPKQ LGHGQEHMGV MLTLLQGIHA LGPPLGPCLE EDGLRPQDTG180
VGALLQRLGH ECICDVLQPR TVLQPHGLQP QPRVLWVLQT RLFQNGPCSS KLPNLLLQPR240
EQKPQCGGVG TLLQPLVIGF PRLHHLHLLL LDLPLHHPQL GEVLIVPQGL LAQILGCPDV300
VLHPLQLHRL HEHPGGGGTV RALASSLRAR SYSSFSDDSF TAASQISSLL GLAWKARARM360
LLAAGTSPAS HLDLAPMSHS TSALGQWATA LCRSASRDSR VPWFFSKYAA RSHTLFLGN420
TCRA 424
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 420

- 5 (A) LÄNGE: 109 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

- 10 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH:

- 15 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 420:

GRTLPRGGGT VWVQHGLEG WWAALSGSGF PAVGFLFWLL RLVIYFLSLLP VTPGAPEYRL 60  
FSPWAVSLSC FLTLLPGLLC VHLRLAWSKQ VRPLLLYSLV LFWHLVKLA 109

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 421

- 25 (A) LÄNGE: 177 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

- 30 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

35 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 421:

- 40 VSVPPSSAAG TLFQGLCGAP DAPHPLSKIP GGRGGGRDPS LSALIYKDEK LTVTQDLPVN 60  
DGKPHIVHFQ YEVTEVKVSS WDAVLSSQSL FVEIPDGLLA DGSKEGLLAL LEFAEEKMKV120  
NYVFICFRKG REDRAPLLKT FSFLGFEIVR PGHPCVPSRP DVMFMVYPLD QNLSDED 177

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 422

- 45 (A) LÄNGE: 114 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

- 50 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

5 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 422:

10 ASRPYILELR EKDPCRPLAH RGSSTVGE GH QEHRGPGTM CLQHWSWGH L NGKILLSWV 60  
FIILGSSAQG GRRRRGEWVG GRVGGCGVAR AGRSLWAKSL SGRGRVPSSC LSER 114

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 426

15 (A) LÄNGE: 50 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 426:

30 PFCSSLAKLQ GIWGMWDLQF PAPASALSQV LTPAPASAPA PGRAPAPAAA 50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 427

35 (A) LÄNGE: 114 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 427:

50 EDKMRPGLSF LLALLFFLGQ AAGDLGDVGP PIPSPGFSSF PGVDSSSSFS SSSRSGSSSS 60

RSLGSGGSVS QLFSNFTGSV DDRGTCQCSV SLPDNNFPVD RVERWNSQLI VISQ

114

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 428

5

- (A) LÄNGE: 113 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 428:

EITMSCEFQR STLSTGKLLS GRETEHWQVP RSSTEPVKLE NNWDTEPPLP KLRLELEPDL 60  
ELELKLELES TPGKELKPGL GIGGPTSPKS PAAWPRKNRR ARRNERPGLI LSS 113

25

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 429

- (A) LÄNGE: 50 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 429:

AAAGAGARPG AGAEAGAGVN TWERAEGAG NWRSHIPQIP CSLAKEEQKG

50

45

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 430

- (A) LÄNGE: 224 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

50



(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 430:

QTQKVVTSPF RITLHWLLPC AAHPPDLHKK GQENSGCAPA TAHSAPPGRS PPELRAGLQR 60  
 LARAVLPVSR FSAPQPPAAS FSGPRVAPSE ESGPGTSSNS GRLALPRLRS LCPLGVARPR120  
 CCRALARCCC SSSPRTAAWA RRAGSSSLAS PTSPTSDELQ AHPGQPAAVP RHRIPEHAAA180  
 15 QPAGPRDHEG GAGAGRRLLD AGHEAVPPGH QEVPVLALRP RLPR 224

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 431

20

(A) LÄNGE: 408 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 431:

35 PALLGLPFIG SSLAPPTLQI CIKKAKKTLA VPQORLILLP RVGAPRSCAR ACSASPALSS 60  
 RCPASPRPSR RLPAFRGPES HPAKRAGPGQ ARTPAASFPF GSAPSAPSGS RAHDAAGPWL120  
 AAAALPRLAL LPGLGARALP LWPARLLLQA QNCKPIPANL QLCHGIEYQN MRLPNLLGHE180  
 TMKEVLEQAG AWIPLVMKQC HPDTKKFLCS LFAPVCLDDL DETIQPCHSL CVQVKDRCAP240  
 VMSAFGFPPW DMLECDRFPQ DNDLCIPLAS SDHLLPATEE APKVCEACKN KNDDNDIME300  
 40 TLCKNDFALK IKVKEITYIN RDTKIILETK SKTIYKLGTV SERDLKKSVM WLKDSLQCTC360  
 EEMNDINAPY LVMGQKQGE LVITSVKRWQ KGQREFKRIS RSIRKLQC 408

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 432

45

(A) LÄNGE: 323 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 432:

10 VISFTFIFSA KSFLQSVSIM SLSSSFLFLQ ASHTFGASSV AGRRWSLLAR GMQRSLSWGK 60  
RSHSSMSGQG KPKADMTGAQ RSFTCTQSEW HGWMVSSRSS RQTGAKSEHR NFLVSGWHCF120  
MTSGIQAPAC SSTSFMVSWP SRLGSRMFY SMPWHSCRLA GMGLQFCACR RSRAGQRGRA180  
RAPSPGSSAR RGRAAAASQG PAASWARDPE GAEGAEPGKG EAAGVRACPG PALFAGCDG240  
PRKAGSRRLG RGEAGHREDS AGEALQARAQ LRGAPTRGSR MSRCWGTARV FLAFFMQIWR300  
VGGAREEPMK GNPRRAGHYF LGL 323

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 433

(A) LÄNGE: 333 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
20 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 433:

35 RGRTWELFLA GRRVLVTGAG KGIGRGTVQA LHATGARVVA VSRTQADLDS LVRECPGIEP 60  
VCVDLGDWEA TERALGSVGP VDLRGDCADM ELFLAGRRVL VTGAGKGIGR GTVQALHATG120  
ARVVAVSRTQ ADLDSLVREC PGIEPVCVDL GDWEATERAL GSVGPVDLLV NNAAVALLQP180  
FLEVTKEAFD RSFEVNLRAV IQVSQIVARG LIARGVPGAI VNVSSQCSQR AVTNHVSVC240  
TKGALDMLTK VMALELGPHK IRVNAVNPV VMTSMGQATW SDPHKAKTML NRIPLGKFAE300  
VEHVVNAILF LLSDRSGMTT GSTLPVEGGF WAC 333

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 434

(A) LÄNGE: 210 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
45 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 434:

5

APGHNLRHLD DRTQVHLKGS VKGLLGDLQE GLQQGDSGVV HQQVHGAHAA QRPLGGLPVT 60  
QVHAHGFYPR ALADKAVKIR LSPAHSHPH ARRQRLDRA APYTFACPGD QHPAAREEQL120  
HVGAVSAQVH GAHAAQRPLG GLPVTQVHAH GFYPRALADK AVKIRLSPA HSHPRARRVQ180  
RLDRAAPYTF ACPGDQHPAA REEQLPCSPT 210

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 435

(A) LÄNGE: 132 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

15

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

25

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 435:

30

FFFFFFFFFL GSRIRFIGGI GGRMSTAWGL RCVEGAQQAQ KPPSTGKVEP VVMPLRSLSR 60  
KRMAFTTCST SANLPSGIRF SIVLALWGSL QVAWPMDVIT TVGFTAFTRI LWGPSSRAIT120  
LVSMSRAPLV EQ 132

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 436

35

(A) LÄNGE: 94 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 436:

50

KAKSWVPSDF RFQELPENTR SQRVIFWSLF CRDSWEYGHF APRCGNESSR SGEAALADVQ60  
LAAPVSNQLH PDGVEDRGVG GLLPELHHAE PYLV 94

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 437

5 (A) LÄNGE: 70 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 437:

20 FSGVCFAGIA GSMATLLHDA VMNPAEVVKQ RLQMYNSQHR SAISCIRTVW RTEGLGAFYR60  
SYTTPSPISC 70

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 438

25 (A) LÄNGE: 98 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 438:

40 KAPNPSVLHT VRMQLIADRC CELYICKRCF TTSAGFITAS WSRVAILPAI PAKQTPENYP60  
LRSGVLRKFL EPKIRRNPGI SFLRSKMYIQ SAQVSTDS 98

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 439

45 (A) LÄNGE: 270 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 439:

RSVVRRLCKM AAEEPQQQKQ EPLGSDSEGV NCLAYDEAIM AQQDRIQQEI AVQNPLVSR 60  
LELSVLYKEY AEDDNIYQQK IKDLHKKYSY IRKTRPDGNC FYRAFGFSL EALLDDSKEL120  
QRFKAVSAKS KEDLVSQGFT EFTIEDFHNT FMDLIEQVEK QTSVADLLAS FNDQSTSDYL180  
15 VVYLRLLTSG YLQRESKFFE HFIEGGRTVK EFCQQEVEPM CKESDHIHI ALAQALSVSI240  
QVEYMDRGEG GTTNPHIFPE GFRAQGLTLF 270

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 440

20 (A) LÄNGE: 145 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 440:

35 RWRRRLSSR SRSRWAATPK VLTVPMMKP SWLSRTEFSK RLLCRTLWCQ SGWSSRSYTR 60  
SMLKMTTSIN RRSRTSTKST RTSARPLTA TVSIGLSDSP TWRHCWMTAR SCSSRLCLP120  
RARKTWCPR SLNSQLRIST TRSWT 145

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 441

45 (A) LÄNGE: 210 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 441:

IAPSRLLKQGK TLGSEALRED VRIGGAALAA VHVHLHDGHA EGLGQRNDVD VVALLAHGLH 60  
 LLLAELLDSP STLDEVLEEL ALALQVARGE QPQVDHKVVG GALVIEGGQQ VGDRGLLLHL120  
 LNQVHERVVE ILNCEFSEAL GHQVFLALGR HSLEPLQLLA VIQQCLQVGE SESPIETVAV180  
 10 RPGLADVRVL FVEVLDLLLI DVVIFSILLV 210

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 442

(A) LÄNGE: 322 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 15 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

25 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 442:

NSERGRLLQAM MTHLHVKSTE PKAAPQPLNL VSSVTLKSA SEASPQSLPH TPTTPTAPLT 60  
 30 PVTQGPSVIT TSMHTVGPI RRRYSDKYNV PISSADIAQN QEFYKNAEVR PPFTYASLIR120  
 QAILESPEKQ LTLNEIYNWF TRMFAYFRN AATWKNVRH NLSLHKCFVR VENVKGAVWT180  
 VDEVEFQRR POKISGNPSL IKNMQSSHAY CTPLNAALQA SMAENSIPLY TTASMGNP TL240  
 GNLASAIREE LNGAMEHTNS NESDSSPGRS PMQAVHPVHV KEEPLDPEEA EGPLSLVTTA300  
 35 NHSPDFDHR DYEDPVED ME 322

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 443

(A) LÄNGE: 103 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 40 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

50 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 443:

FGTRAPASHD DPPACEVYRT QSCPSAPESG IKCHPLQVRI GGFSTELTSY SNOPNRPPDS 60  
RHRPRLCHHN HQHAHGGTHP QAVLRQIQRA HFVSRYCAEP RIL 103

5

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 444

- (A) LÄNGE: 101 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
10 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 444:

25

SLSWSKSGLW LAVVTKDRGP SASSGSRGSS LTCTGCTACI GDLPGLLSLS LLLVCSIAPF 60  
SSSRIALAKL PRVGFPMEAV VYRGILFSAI EACKAALRGV Q 101

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 445

- (A) LÄNGE: 539 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
30 (C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 445:

LDVQVKDDSR ALTIGALTLP LARLLTAPEL ILDQWFQLSS SGPNSRLYMK LVMRILYLD 60  
45 SEICFPTVPG CPGAWDVDSE NPQRGSSVDA PPRPCHTTPD SQFGTEHVL R IHVLEAQDLI120  
AKDRFLGGLV KGKSDPYVKL KLAGRSFRSH VVREDLNPRW NEVFVIVTS VPGQEEVEV180  
FDKDLDDKDDF LGRCKVRLTT VLNSGFLDEW LTLEDVPSGR LHLRLERLTP RPTAAELEE240  
LQVNSLIQTQ KSAELAAALL SIYMERAE DL PLRKGTKHLS PYATLTVGDS SHKTKTISQT300  
SAPVWDESAS FLIRKPHTES LELQVRGEGT GVLGSLSLPL SELLVADQLC LDRWFTLSSG360  
50 QGQVLLRAQL GILVSQHSKV EAHSHSYSHS SSSLSEEP EL SGGPPHITSS APELRQLRTH420  
VDSPLEAPAG PLGQVKLTLW YYSEERKLV S IVHGCRLRQ NGRDPPDPYV SLLLLPDKNR480  
GTKRRTSQK RTLSPFNER FEWELPLDEA QRRKLDVSVK SNSSFMSRER DCWGRCSTW 539

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 446

- 5 (A) LÄNGE: 99 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

15 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 446:

20 LLCLPAFVSL HHRLNVMSLK LGSKGRACAL QPFHLTGPYS GLCLTKEKNR MFPLLHGLYP60  
SGPLGRGPFL AVSCFACTLF SLPPNSSGPS VSVPGQWQH 99

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 447

- 25 (A) LÄNGE: 112 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

35 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 447:

40 VWIKLFTCST SSNSAAVGRG VRRSRRKCRR PDGTSSRVSH SSRKPLFKTV VRRTLHLPRK 60  
SSLKSLSKT STSSWPGTD VTITSKTSFQ RGLRSSRTTW LRKLRPANFS LT 112

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 451

- 45 (A) LÄNGE: 56 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF



(iii) HYPOTHETISCH: ja

5 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 451:

FFFFFVETGF RHVDETGLEL LASSDLPPQL LKVLGLYRHE PLSLALKRFS QRPSVR 56

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 452

15 (A) LÄNGE: 56 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 452:

IRFGISCPGP GISLQEPPL CWRHSFRIRR RREKRKCKGG RSFPGRITISV THMDPR 56

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 453

35 (A) LÄNGE: 57 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 453:

VTEMVRPGKD LPPLHFLFSL LLLILKLCLO QRGRGSCREI PGPGQEMPNI IYLTEGL 57

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 454

- 5 (A) LÄNGE: 80 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

- 10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF  
(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

- 20 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 454:

ILAFWRAAPL WHHQTLLCFP STWNSSNIRG CEGLAILLSW VHVSDRNGAA WERSPSFTFS60  
LLPPPPYSKT VPPTEGQGLL 80

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 455

- 25 (A) LÄNGE: 182 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

- 30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF  
(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 35 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

- 40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 455:

ARLPLLAED RGQPGSVKDP KMAGRKLALK TIDWVAF AEI IPQNQKAIAS SLKSWNETLT 60  
SRLAALPENP PAIDWAYYKA NVAKAGLVDD FEKKFNALKV PVPEDKYTAQ VDAEEKEDVK120  
SCAEWVSLSK ARIVEYEKEM EKMKNLIPFD QMTIEDLNEA FPETKLDK KK YPYWPHQPIE180  
45 NL 182

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 456

- 50 (A) LÄNGE: 76 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

5 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

10 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 456:

15 AQSIAGGFSG KAALEVRVS FQDFRELAMA FFWGMISSAK ATQSMVFRAS FRPAILGSFT60  
DPGCPRSSAA SNGSRA 76

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 457

20 (A) LÄNGE: 104 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

30 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 457:

35 CPECVIQGPE LPPGLNFINS QLVGEANRDT FSCLIWFLGK LHSSPQWSSD QMELSSSSSP 60  
SLSHILQSWP LRETPTQHKI SHLLFLRHPP GQYIYPLARE PSAH 104

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 458

40 (A) LÄNGE: 223 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

50 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 458:

5 RGAGGHQGES GRPEGWPPPF LHPGRGFQVP WLESVLIVVS NNIDEEALAR LAQEGSEVNV 60  
IGIGTSVVTG PQQPSLGGVY KLVAVGGQPR MKLTEDPEKQ TLPGSKAAFR LLGSDGSPLM120  
DMLQLAEEPV PQAGQELRVW PPGAQEPCTV RPAQVEPLL R LCLQQGQLCE PLPSLAESRA180  
LAQLSLSRSL PEHRRRLRSPA QYQVVLSERL QALVNSLCAG QSP 223

10

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 459

(A) LÄNGE: 157 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

15

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

25

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 459:

VIRVVSSQPR SESQGDPAH RLFRACSLD DSTTWYCAGL RSRLCSGLSR LRDSWAKALD 60  
SARDGSGSHS CPCWRQSRSS GSTWAGLTVQ GSWAPGGHTL SSCPACGTGS SANCSMSMSG120  
30 DPSEPRSRKA ALLPGNVCFS GSSVSFIRGW PPTATSL 157

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 460

(A) LÄNGE: 93 Aminosäuren

35

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

45

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 460:

50 PPLFPHLLFL WGVSDSCCF QSAPLRVSGG LPRTQTVHQG LQPLGQHHLV LCRAPQPPVL60  
RAESAQQQLG QGSRLCQWE RLTQLSLLEA EPQ 93

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 461

- 5 (A) LÄNGE: 328 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

15 (A) ORGANISMUS: MENSCH :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 461:

20 FSLILCKHSI GDRKNYASAK LSELLPEEVE AEVKAAAEIS MGTEVSEEDI CNILHLCTQV 60  
 IEISEYRTQL YEYLQNRMM IAPNVTVMVG ELVGARLIAH AGSLLNLAKH AASTVQILGA120  
 EKALFRALKS RRDTPKYGLI YHASLVGQTS PKHKGKISRM LAAKTVLAIR YDAFGEDSSS180  
 AMGVENRAKL EARLRTLEDR GIRKISGTGK ALAKTEKYEH KSEVKTYDPS GDSTLPTCSK240  
 KRKIEQVDKE DEITEKKAKK AKIKVKVEEE EEEKVAEEEE TSVKKKKKRG KKKHIKEEPL300  
 25 SEEEPCTSTA IASPEKKKKK KKKRENE 328

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 462

- 30 (A) LÄNGE: 124 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

40 (A) ORGANISMUS: MENSCH :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 462:

45 YNRNSFLLIL VLSLFFFL FLWTSNCCAG TWFFLRKWFF LNVFLFTPFL LLLHRCFFFF 60  
 CHEFFFLFFN FNFNLGFFGF LFSNFILFIY LEYFAFFRTG WKCGVTRRIV SLHFTFVFIF120  
 FCFC 124

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 463

- 50 (A) LÄNGE: 101 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 463:

15 SSFSLFFFFFF FFFSGLAIAV LVHGSSSESG SSLMCFFLPL FFFFTDVSS SSATFSSSSS 60  
STLTILIAFL AFFSVISSSL STCSILRFLE QVGSVESPEG S 101

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 464

(A) LÄNGE: 427 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 464:

35 GGSSRRHGGG YAAVALLVLL LLGPGGWCLA EPPRDSLREE LVITPLPSGD VAATFQFRTR 60  
WDSELQREGV SHYRLFPKAL GOLISKYSLR ELHLSFTQGF WRTRYWGPPF LQAPSGAELW120  
VWFQDTVTDV DKSWEKLSNV LSGIFCASLN FIDSTNTVTP TASFKPLGLA NDTDHYFLRY180  
40 AVLPREVVCT ENLTPWKKLL PCSSKAGLSV LLKADRLFHT SYHSQAVHIR PVCARNARCT240  
ISWELRQTLS VVFDAFITGQ GKGDWSLFRM FSRTLTEPCP LASESRVYVD ITTYNQDNET300  
LEVHPPPTTT YQDVILGTRK TYAIYDLLDT AMINNSRNLN IQLKWKRPPE NEAPPVPFLH360  
AQRYVSGYGL QKGELSTLLY NTHPYRAFPV LLLDTVPWYL RLLHPLPACP GPAATPPPGD420  
ADSAAGQ 427

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 465

(A) LÄNGE: 128 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 465:

SPSILYGSCT CHSHKAFGGP DTGGHPSCR P HQVQSCGSGS KTLSLMWINL GRSSVMSSQG 60  
SSAPLSTSST PPTQSLPLPP SNPWWPMTL TTFCAMLCC RGRWSAPKTS PPGRSSCPVV120  
PRQASLCC 128

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 466

(A) LÄNGE: 124 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

30 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 466:

PQAWRRLCRC CSARPVAPGA RRLVPCRTPT RQPAGGTCHH PAAFRGRSRH IPVPHALGFG 60  
35 ASAGRSVPLQ ALSQSPGAAD LQVFSTGAAP VIHTRLLEDP ILGATLPAGP IRCRAVGLVP120  
RHCH 124

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 467

40 (A) LÄNGE: 106 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 467:

5 FLHKTHNRAV EEAKEPFLCL CSRTERGPLA SVLLVLPGL YQALRRGMET PHSGAWLGEG 60  
EAAGVLWASR GYNLSSLGNV CPFVGSSPTR RGTQLYTGTI CVWSVL 106

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 468

- 10 (A) LÄNGE: 164 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 20 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 468:

25 ISTKQTTHRL SQCKVESPDV SDYCLQMDTR SPESSDYTLE KPKEPLPPPL PQARPQSGAF 60  
PYPASRPGTV REEPAGSRWP EGLSQSYRG IKRAPLLPPQ PCCESCAGIN LRNSPEAETG120  
LMPWERSECE PMAPSLGNTN LPKYVKAEGD RDLAEGRKSF SSRN 164

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 469

- 30 (A) LÄNGE: 108 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
35 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 40 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 469:

45 EIRGRPPLFM PPLSCVDEFL QNRPHDCPS VKLSPPTCRT TAYKWTHVPQ RAQIIPSRSP 60  
KNPCRLPFPK PGPRVGRFHT PPQGLVQSGK NQAHAGQRA SLSPTTEA 108

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 470



- (A) LÄNGE: 317 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 5 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja  
 10

(vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

15 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 470:

20 NMVDYYEVLG VQRHASPEDI KKAYRKLALK WHPDKNPENK EEAERKFKQV AEAYEVLSDA 60  
 KKRDIYDKYG KEGLNGGGGG GSHFDSPF EF GFTFRNPDDV FREFFGGRDP FSFDFFEDPF120  
 EDFFGNRRGP RGSRSRGTGS FFSAFSGFPS FGSGFSSFD T GFTSFGSLGH GGLTSFSSTS180  
 FGSGMGNFK SISTSTKMVN GRKITT KRIV ENGQERVEVE EDGQLKSLTI NGVADDDALA240  
 EERMRRGQNA LPAQPAGLRP PKPPRPASLL RHAPHCLSEE EGEQDRPGAP GPWDPLGVRS300  
 RIERRWQEEE AEAERGV 317

25 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 471

- (A) LÄNGE: 123 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 30 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja  
 35

(vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 471:

45 SMPLVQLPSS FKLLSLLLLL PLATFFQSCC GRRGGPRARV PQVGPARPPP QRDSEARVSA 60  
 ARQAGAASAG GGRQAGLAGR SGLSACAPQR GHRRRPHHLL LRTLTHLLQ LLLFLDRSRQ120  
 FSL 123

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 472

- (A) LÄNGE: 105 Aminosäuren  
 50 (B) TYP: Prot in  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 472:

KIRSNQCLWS NFLPPSNSSL CFCFFLLPPS FNPAADAEGV PGPGCPRSVL LALLLRETVR 60  
RVSQQRGRPG RLRRAEAGRL GWQGVLASPH ALLSEGIVVG HTIYC 105

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 473

(A) LÄNGE: 159 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

20

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

30 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 473:

IVSERSLRSL WTAHWALPEM DSRIPYDDYP VVFLPAYENP PAWIPPHERV HHPDYNNELT 60  
QFLPRTITLK KPPGAQLGFN IRGGKASQLG IFISKVIPDS DAHRAGLQEG DQVLAVNDVD120  
FQDIEHSKAV EILKTAREIS MRVRFPPYNY HRQKERTVH 159

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 474

40

(A) LÄNGE: 75 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 474:

5 PPTGRPPPF FFFFFFFFSIV FYFLGERLGG GRGENSVSLE SQKCMNLLVV QGWDKMAREV60  
 RWKIPKILFA TDFYN 75

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 475

10 (A) LÄNGE: 97 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20 (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 475:

25 LGG LSSSDVK SQLSSRRLQ CDGSGQKLQ LIVVVRVYP LMRRNPCWRI LIGRQENHRV60  
 VIIRNPAVHL GQGPVGSQR PQTPLDHSV WEPEADA 97

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 476

30 (A) LÄNGE: 274 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40 (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 476:

45 GHLWRPAGGR LPRHHDQVCR AAEPHRGGGL CGHQRRLPHR PRVQEGWGLC PHESLHQVPA 60  
 DRPWHEPGAG CAADCEDPHR RPGACEPGAP PAARAAGLGR GTRHGNGDIL SFEDANRAMQ120  
 TGVGTGIMIAR GALLKPWLFT EIKEQRHWDI SSSERLDILR DFTNYGLEHW GSDTQGVEKT180  
 50 RRFLLEWLSF LCRYDPVGLL ERLPQRINER PPYYLGRDYL ETLMASQKAA DWIRISEMLL240  
 GVPPTSPSC RSTRPRTSS LRLSQGHPGA RRVQ 274

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 477

- 5 (A) LÄNGE: 256 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 477:

20 AGPAPVQPGP HTRCRCPRGH GSRGRSQAGK LWCPAGPRRP GTSTPPSSPV RTCGPLTDED 60  
VVRLRPCEKK RLDIRGKLYL APLTTCGNLP FRRICKRFGA DVTCGEMAVC TNLLQGQMSE120  
WALLKRHQCE DIFGVQLEGA FPDMTKCAE LLSRTVEVDF VDINVGCPID LVYKKGCGCA180  
LMNRSTKFQQ IVRGMNQVLD VPLTVKIRTG VQERVNLHR LLPELRDWGV ALVTEMGTSC240  
25 HLRMPTAPCR LVSPGS 256

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 478

- 30 (A) LÄNGE: 165 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35 (iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

40 :

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 478:

45 NLLYSPRPV PLGKPEATCT RWPCASARRR GGGHWPKEHL ADADPVGCLL AGHQRLQVVA 60  
AQVVGRLVD PLWEPLQPH GIVPAQEGQP LEQKAPGLLH ALRVAPVLQ AVVGEVPQDV120  
QALGRDVPV PLLLDLREEP RLEQGATGNH DPGDTS LHGA VGILK 165

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 479

- 50 (A) LÄNGE: 262 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 479:

15 GSPMSPARAM QTLFVPEHGD HGAGVCSDDH HRGGHVPAEP LQAVCTVLHQ PAQPGAEERR 60  
CPVLRMPVA SETQCQATES QSRSLTPRLG PPTAWPCALR PAERFPPLPA QCLLVQLQT120  
LFVPEHGDHG AGVCSDDHHR GGHVPAEPLQ AVCTVLHQA QPGAEERRCP VLRRMPVALG180  
EHSVRQRNPR AAGLRPASAH RPPGRAALRP AGALPPLPAH LSVPAARDRP AAHHLAVRRG240  
20 GAPTLPGPLD LQSGSGPRGGV GN 262

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 480

(A) LÄNGE: 270 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 480:

40 AAQCLLVQC KRSLFQSMEI TELEFVQIII IVVVTCLLSH YKLSARFIS RHSQRRRED 60  
ALSSEGCLWP RRHSVRQRNP RAAVLRPASA HRPPGRAPFA QRSVFHRCQP NVSCTCNCKR120  
SLFQSMEITE LEFVQIIIV VVTCLLSHYK LSARFISRH SQRRREDAL SSEGCLWPSE180  
STVSGNGIPE PQVYAPPRPT DRLAVPPFAQ RERFHRFQPT YPYLQHEIDL PPTISLSDGE240  
45 EPPPYQGPWT FKVRDPEEEL EIERGLGAET 270

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 481

(A) LÄNGE: 124 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 481:

ATTSC LHGPS SAGTARGGGE KMPCPQKDAC GPRRAQCQAT ESQSRRSTPR LGPPTAWPCR 60  
PSPSGSASTA SSPPIRTCST RSTCRPPSRC QTGRSPHPTR APGPSRFGTP RRSWKLNGDW120  
VRRP 124

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 482

(A) LÄNGE: 99 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

20

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

30 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 482:

RVLVSPLSLS MWRWKVEKDT VSILKLLRFS ERGRHLNRQV GFSVLSALGI WREMGLLSLC60  
TQEGHALKTV FVDQRRLYST GGIQMSLRGR EETWQADYI 99

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 483

(A) LÄNGE: 104 Aminosäuren

40

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

50 :

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 483:

5 VLEEEKKHGK QITSEPFELC FSFFPCLFSK IYLNLETQDI FLGNLLPMSE VASAASRQIP 60  
 GNPEPQNVIP PGSAWPDVPL SAGFTYQSHS SFSINTPKSS PNHH 104

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 484

10 (A) LÄNGE: 123 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20 (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 :

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 484:

25 KLDSTQCRPS LHTNMYVLLS ECHLLCTQCH DSKIKISVSN QNINQARNRW AQRGVRGLSY 60  
 TAVKQPTCSA HSQAESDWSC RQRGGGRVLC CPLLCMVSWV FQGGQLLSPN KTVNSLRTGP120  
 LPH 123

30 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 485

35 (A) LÄNGE: 303 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40 (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 :

45 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 485:

50 LGRKPSWVG AGLEPSQGS LSHHPAPQSD SAPTSPPIPG EPGPQREVDK WGGSLGRPES 60  
 SGHPGRTPAT CCHCAVMAR SGSATPPARA PGAPPRSPQ RLVQDVSGPL RELRPRCHL120  
 RKGPQGYGFN LHSDKSRPGQ YIRSVDPGSP AARSGLRAQD RLIEVNGQNV EGLRHAEVVA180  
 SIKAREDEAR LLVVDPETDE HFKRLRVTP EHVVEGLPS PVTNGTSPAQ LNGGSACSSR240  
 SDLPKSDKDT EDGSAWKQDP FQESGLHLSP TAAEAKEKAR AMRVNKRAPQ MDWNRKREIF300  
 SNF 303

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 486

- 5 (A) LÄNGE: 149 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 486:

20 APRRRPRRRR LEPCESTSAR HRWTGTGSVK SSATSEPLPA CLGTLGPLPH GPWASACPEL 60  
PQPQWTGGWS CHCPEISPSP GEPPSCPCPP GTGGLWQQDR GRETQRCERE SETETERERE120  
RHRERQRESE RARGSRGARA FAALPGPAD 149

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 487

- 25 (A) LÄNGE: 217 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 35 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## 40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 487:

FLGNGRTTLQ STEAGGARGR LRPKVRAGGV PGSRDRQEGA QKLLKISRFL FQSICGARLL 60  
TRMARAFSLA SAAVGLRWRP LSWKGSCFQA LPSSVSLSEP GRSLRDEHAE PPLSWAGLVP120  
LVTGDGRGPS TCSSVGVTRS RLKCSSVSGS TTSSRASSR ALMLATTS AW RSPSTFCPFT180  
45 SMSRSWARRP ERAAGEPGST ERMYPGRDL SLCRLNP 217

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 488

- 50 (A) LÄNGE: 298 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einz I



(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

5 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

10 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 488:

15 EIRAVGGGVC VDGMGTPGEG LGRCSHALIR GVPESLASGE GAGAGLPALD LAKAQREHGV 60  
LGGKLRQRLG LQLELPPEE SLPLGPLLGD TAVIQGDTAL ITRPWSPARR PEVDGVRKAL120  
QDLGLRIVEI GDENATLDGT DVLFTGREFF VGLSKWTNHR GAEIVADTFR DFAVSTVPVS180  
GPSHLRGLCG MGGPRTVVAG SSDAAQKAVR AMAVLTDHPY ASLTLPDAA ADCLFLRPGL240  
PGVPPFLLHR GGGDLPSQE ALQKLSDVTL VPVSCSELEK AGAGLSSLCL VLSTRPHS 298

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 489

(A) LÄNGE: 175 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

25 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 489:

40 AGHRYQGDIR ELLQCLLAVG QIPTSTVQEE RGHTRQPRTK KETVSSCVIW EGQGGIWVIC 60  
QHCHCPDSSL GSVAAACHNS ARSPHAAETA QVGGTRDWSH GDGEVPERVR HDLSSSVIGP120  
FGEAYEKLPA GEENVSAIQR RVLVSYPHNS EPQVLQGFAD SIDLWPTSGA PGPRD 175

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 490

(A) LÄNGE: 150 Aminosäuren

45 (B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 490:

LGPCPLGSRP CRQAAVPAAM TPQVAVLAAV APVVASVYLP APRAPFELWP DPEREGQPPH 60  
LPPTPGSLGL PGSGHGSSGP APPPASPSHP HRLPLQPLGF LSFLVSSPVS SGHPHSCRAV120  
10 ISAGAPPPED RVGGEPSRL QASGTGSSGF 150

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 491

15 (A) LÄNGE: 89 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 491:

30 FVKRTKQPRQ TLDAPCSALR LWGRCLLGEA VAQGVHCEAG PVDSAGGIHL ASGCLVSVYS60  
DIAFCCHLSC GQRGVSWHEN IFFFKCGSF 89

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 492

35 (A) LÄNGE: 63 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 492:

50 LTHLLFEKCL LPSLGLITKF DHDHIVVSQS ALEIVSGLHE VAMGVWSTLK LYQSCTYFQT60  
FLK 63

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 493

5 (A) LÄNGE: 73 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 493:

20 DGSRMLCHYI QKQDNKLNG CPLQSQQVQP HSARPELQPL PKGIFPTAST PSKEHQGFVS60  
VVLFFLQTID IYS 73

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 494

25 (A) LÄNGE: 318 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 494:

40 KCATFWSFPR RQGGLGIAIS EEDTLSGVII KSLTEHGVA A TDGRLKVG DQ ILAVDDEIVV 60  
GYPIEKFISL LKTAKMTVKL TIHAENPDSQ AVPSAAGAAS GEKKNSSQSL MVPQSGSPEP120  
ESIRNTSRSS TPAIFASDPA TCPPIPGCET TIEISKGR TG LGLSIVGGSD TLLGAI IHE180  
VYEEGAACKD GRLWAGDQIL EVNGIDLRKA THDEAINVLR QTPQVRVRLTL YRDEAPYKEE240  
45 EVCDTLTIEL QKKPGKGLGL SIVGKRNDTG VEVSDIVKGG IADADGR LMQ GDQILMVNGE300  
DVRNATQEAV AVWIKVFP 318

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 495

50 (A) LÄNGE: 206 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 495:

15 SAFAEMGSDH TQSSASKISQ DVDKEDEFGY SWKNIRERYG TLTGELHMIE LEKGHSGGL 60  
SLAGNKDRSR MSVFIVGIDP NGAAGKDGR L QIADELLEIN GQILYGRSHQ NASSIIKCAP120  
SKVKIIFIRN KDAVNQMAVC PGNAVEPLPS NSENLOQKET EPTVTTSDAA VDLSSFKNVQ180  
HSGASQGGRG VVWLLSAKKI HSESS 206

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 496

(A) LÄNGE: 119 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 496:

TSWIIMAPSS VSEPPTMLRP SPVRPLEISM VVSQPGIMGQ VAGSEAKIAG VDDLLVFRMD 60  
SGSGEPDCGT IRDWELFFFS PLAAPAAEGT AWESGFSAWM VSFTVIFAVF RRLINFSIG 119

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 497

(A) LÄNGE: 71 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 497:

SAPSLTKCRS THVYPLSLIM FMSGGSSRST LRRMVPTPST TSLSPRSSSS TSKLLTQSGP60  
SLPQPPASRP F 71

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 498

(A) LÄNGE: 139 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 498:

SRSPACGASE HGDGAMSLIC SISNEVPEHP CVSPVSNHVV ERRLLIEKYIA ENGTDPINNQ 60  
PLSEEQILIDI KVAHPIRPKP PSATSIPAIL KALQDEWDAV MLHSFTLRQS CRQPAKSCHT120  
LCTSTMPPAV SLPVSPRKL 139

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 499

35

(A) LÄNGE: 74 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 499:

TTGRERGCPR CAGLFYCFLE LMKLDHCLQN PAQALLPIPF TVSLVRRAMT RQAASCWYRA60

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 500

- 5 (A) LÄNGE: 71 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 500:

20 FSFFNETRSL LTKPCTSPPA HPLHSSLGSA SPVSQELQQN GCGTATTTSI ERQEGRGAVG60  
 LVQGFFIVFF F 71

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 501

- 25 (A) LÄNGE: 284 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 35 (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 501:

EARGLATRTR SGAAAHAGDR FTDADDVAIL TYVKENARSP SSVTGNALWK AMEKSSLTQH 60  
 SWQSLKDRYL KHLRGQEHKY LLGDAPVSPS SQKLKRKAE E DPEAADSGEP QNKRTPDLP E120  
 EEYVKEEIQE NEEAVKKMLV EATREFEEV VDESPPDFEI HITMCDDPP TPEEDSETQP180  
 45 DEEEEEEEK VSQPEVGAAI KIIRQLMEKF NLDLSTVTQA FLKNSGELEA TSAFLASGQR240  
 ADGYPIWSRQ DDIDLQKDDE DTREALVKKF GAQNVARRIE FRKK 284

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 502

- 50 (A) LÄNGE: 123 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 502:

15    ETFSSSSSSS SSGCVSESSS GVGGSSSHIV ICISKSGGLS STTTSSNSRV ASTSIFLTAS 60  
     SFSWISSFTY SSSGKSGVLL FCGSPLSAAS GSSSAFRLSF WEEGLTGASP SRYLCSWPRR120  
     CLR 123

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 503

(A) LÄNGE: 175 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 503:

35    VFLRCGWIII THSYMYFKIR RALIHNNLLK LPGGFHKHLF DCFILLDDFF LHILFFRQIW 60  
     SSLILWFPAI RGLRVLLRLP LELLGGGAHR RVPQQVLMML APQVLEVAVL QGLPRVLRER120  
40    ALLHRFPQGV TGDGAGRAGI FLHVGKDGIV VRIREAIARV RCRSAPRARR QAPGF 175

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 504

(A) LÄNGE: 78 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 504:

CPPEKSLQMF QPLSSPDSHR KGTGFGLGIV FSLTFFKRRM WPLAFGSGMG LGMAYSNCQH60  
DFQAPYLLHG KYVKEQEQ 78

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 505

(A) LÄNGE: 95 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 504:

SKTSTLPVAI WTRQRLEHLQ GFLGWTISITR ILSSRPHPD TGPTSCRAFT QTCSPPPAPPA60  
FLSAGPRAPT PESLARAGNK SQVRKAGADA PDIAR 95

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 506

(A) LÄNGE: 156 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 506:

AIPNPMPEPK ANGHILLKK VSEKTIPNPK PVPFLWLSGL DRGWNICRDF SGGHQLPGFY 60  
LHDRIQTPV PLPAELRLRH VPHRLQLSS RPAPALRPLK VSRELETSR SGRQAQTLQI120  
SRDDPLLPSL PVFSVGRQGD AVVWRLEVTL TLGCAY 156

50



## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 507

5 (A) LÄNGE: 169 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 507:

20 AASGMLGSWP ARTFHPGACV SRRPSAPWKH TASGKDSPDL RFSEHGVSQE FWAGGLVAVL 60  
EMTPSPSPWG TQEGPAGMCS LWVVGWCPGR GAGVRDLVLV HAGVWCKHVC AVQRDACGES120  
RTPAPPRKGG AVTSVLCLFL IKTFPLFSYK FASCKQVHKD PPLVKSGFE 169

25

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 508

30 (A) LÄNGE: 155 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

40

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 508:

45 TQNTGNRSFAF PGWRWCAALS TRVSLYSTYM FTPHTCVDEH QITHPSSTTG TPADYPQAAH 60  
SGRALLGAPR GGARGHLQHC HQAASPEFLG NTVLGKPKVR AVLPRGRVLP GCGGPAADTG120  
PRVEGPGRPA SKHARRSLGE PGSVASSLLS LRSPI 155

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 509

50 (A) LÄNGE: 148 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

5 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 509:

15 ENRGNVLIKN KHKTLVTAPP FLGGAGVRLS PHASLCTAHT CLHHTPAWTS TRSRTPAPRQ 60  
GHQPTTHRLH IPAGPSWVPH GEGLGVISST ATRPPAQNSW ETPCSENRRS GLSFPEAVCF120  
QGAEGRRLTQ APGWKVLGQ LPSMPDAA 148

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 510

20 (A) LÄNGE: 75 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 510:

35 NAYISGYERD FMTIQSNITL ADRETEVFHD LPSLPASLRQ NWIPTLVFFL PFTSFSLLYN60  
VLRDQNSHQN RLFLR 75

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 511

40

(A) LÄNGE: 67 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 511:

5

FRDTEGLLAL MTFWMGLQLM TILILEERTL LIFSPIALLR RSTSYSESLH IPLVFLQAPE60  
PLVQMLY 67

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 512

(A) LÄNGE: 101 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

15

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 512:

IFFFFFFFF PLRHLFNNCR NPKELASNLE VVSEAAGWLD WAQPLSCLNR PRNGIMMTMR 60  
TSILSSSHCV YYVFSFNKAF VPMALLEGGR LKECVVILSK M 101

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 513

35

(A) LÄNGE: 179 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 513:

50

FGTMGGISDP DTLHIWKTNS LPLRFWVNIL KNPQFVFDID KTDHIDACLS VIAQAFIDAC 60  
SISDLQLGKD SPTNKLLYAK EIPEYRKIVQ RYYKQIQDMT PLSEQEMNAH LAEESRKYQN120

EFNTNVAMAE IYKYAKRYRP QIMAALEANP TARRTQLQHK FEQVVALMED NIYECYSEA 179

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 514

- 5 (A) LÄNGE: 179 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 514:

20 DRGAPALTPG HLHPLPPVPR SVSGMEAREL VRLPHLPSTA CTVPTHLLHN VQLVLLPRAP 60  
CIQAAKHKLG ERRPPARRLQ PRNSTSSTLV QGALLELTFD WFLQLPKCY LHFPLTRRGS120  
WPQTVSSSVR FLLLGRLLE WVPAPWGAL WASPGAGRVE GRDGGHRSWE PRLQEKERG 179

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 515

- (A) LÄNGE: 200 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
30 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 515:

SGDRWEGMEV PRGQGGGAPV SESSPSSCPR PSRLCSVFPS LSHRHGVEDQ VEAQWASISP 60  
SSSLTNSPCV SGLTVALVDV VLHQSHLLK LVLQLCPPGR GVGLQRGHD L RPIPLGVLIN120  
45 LCHGHIGVEL ILVFPRLGQ MGIHLLAER RHVLDLLVVA LHDLPVLRNL LGVEELVGWR180  
ILAQLQVRDG AGVDEGLRDD 200

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 516

50

- (A) LÄNGE: 157 Aminosäuren

- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

15 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 516:

```
TSMEALLFRL FKLPAATLRC IGLRRPLVTH TLRRKCEHKA SRLCHGGCCC TLEPCVGRHR 60
DWDLERGKSS AKTGGELHGR RTAAARGGSE RPVLGHRRRD PDAGGLRGQD GEALQHRGWH120
IPGSETLPGR GGHVPWPRPG RRHPHMC GF WDSQSLA 157
```

20 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 517

- (A) LÄNGE: 401 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- 25 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 517:

```
RTRCAGSVNT KPPGFVMAAA AARWNHVWVG TETGILKGVN LQRKQANFT AGGQPRREEA 60
VSALCWGTGG ETQMLVGCAD RTVKHFSTED GIFQGQRHCP GGEGMFRGLA QADGTLITCV120
40 DSGILRVWHD KDKDTSSDPL LELRVGPGVC RMRQDPAHPH VVATGGKENA LKIWDLQGSE180
EPVFRAKNVR NDWLDLRVPI WDQDIQFLPG SQKLVTCTGY HQVRVYDPAS PQRRPVLETT240
YGEYPLTAMT LTPGGNSVIV GNTHGQLAEI DLRQGRLLGC LKGLAGSVRG LQCHPSKPLL300
ASCGLDRVLR IHRIQNPRGL EHKVYLKSQL NCLLLSGRDN WEDEPQEPQE PNKVPLEDTE360
45 TDELWASLEA AAKRKLSGLE QPQALQTRR RKKKRPGSTS P 401
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 518

- (A) LÄNGE: 222 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- 50 (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 518:

SWEKLYVLVP DGNPQVQPI PHVLGPEHRF LRALQVPYLQ SILFPTCGNH MGVCWVLAHP 60  
THPRAHSQFQ EWVRGCVLVL VMPDSENPRI HTCDEGAVGL GEATEHALPA RAVSLTLEYA120  
ILGAEVLHRP VRAAHQHLGL AAGAPTQGAH CLLAPRLSSG REVRRLFSLK IYPFQDPSLG180  
15 ADPHMV PACS SSRHDKAWRL CVHTSGAACA SPAGVEVRCT AV 222

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 519

20

(A) LÄNGE: 86 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

30

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 519:

35

DPRPVSLTL ALLPRCHFSL SSVKYRLHIL SLNASTICVT PKDFWDFDET CEGEDTEKPV60  
ICKHLLLFPH HLWDISAVVS KWQIIN 86

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 520

40

(A) LÄNGE: 77 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 520:

5 ISSVNYHMTI QAQYKLGHCI LCGWISVAVF LTSPKKTSCR AELLVQAPDN DAPDFAFWGL60  
SLLLSHFLKL FAWPWHH 77

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 521

10 (A) LÄNGE: 71 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 521:

25 CGNKSQCLQI TGFSVSSPSQ VSSKSQKSLG VTQIVLALSD KMCSLYLTEE ERKWHLGSSA60  
RVSKETGLGS Q 71

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 528

30 (A) LÄNGE: 120 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 528:

45 LTYLFFFFFF FFLGRSLGFI RSVGTLFRSE APPSHGVGDS GGRGNPSEHP GGCVVSMYFA 60  
LPHLFHGVPC QQQALICGEG SKQRRRPFRG GERAVAPRTP SPAHDIPEKE TKIKPRGLST120

50

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 529

- (A) LÄNGE: 90 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 529:

PLLKGKKLSA ALTNLSFFFF FFFFFGKKPW LYSLCGDTV FRGPSQPWGG GQWWAWESQR60  
ASWRVRRHLV FCSSPSFPWG PLPGSSTNMW 90

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 530

- (A) LÄNGE: 96 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 530:

NKAPGPFYVG APLKYGMVVG REAVAQQSL PDYQLWGGFQ GARSRLGSSS HRHVGGGRKY60  
LQGGTVSEEQ DGRGFSACYG ILFKEMGVKP GTVAHA 96

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 531

- (A) LÄNGE: 497 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja



(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 531:

```

TPALVQRFRE GGSGAPEQAE CVELLLALGE PAEELCEEFL AHARGRLEKE LRNLEAELGP 60
SPPAPDVLEF TDHGGSGFVG GLCQVAAAYQ ELFAAQGPAG AEKLAARFARQ LGSRYFALVE120
10 RRLAQEQGGG DNSLLVRALD RFHRRRLRAPG ALLAAAGLAD AATEIVERVA RERLGHHLQG180
LRAAFLGCLT DVRQALAAPR VAGKEGPGLA ELLANVASSI LSHIKASLAA VHLFTAKEVS240
FSNKPYFRGE FCSQGVREGL IVGFVHSMCQ TAQSFCDSPG EKGATPPAL LLLLSRLCLD300
YETATISYIL TLTDEQFLVQ DQFPVTPVST LCAEARETAR RLLTHYVKVQ GLVISQMLRK360
SVETRDWLST LEPRNVRAVM KRVEDTTAI DVQVGLLYEE GVRKAQSSDS SKRTFSVYSS420
15 SRQQGRYAPS YTPSAPMDTN LLSNIQKLS ERIDVFSPVE FNKVSVLGTI IKISLKTLAG480
SVCGLRTFLA LCGLQQG 497

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 532

20 (A) LÄNGE: 153 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 532:

```

CGSGWSWPHW PATRPGQGGP SQPREVLPAV GGRLSGSPGR PPGDPAGGGP GARGPLVPRS 60
PWQRLRARQR PAGPREPASA GGSGPAPAPA VSCHHHPAPA PAAAPPAQNS GCPAAGRPP120
ASRHLLGPGP QTAPGRPPPP GRGRPRSHCL HGR 153

```

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 533

45 (A) LÄNGE: 221 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:

## (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 533:

5

YDQALHLHV V GQQPPRRFP G LCTQRAHGRH WELILHQKLF ISESEVVDG GRLVVQAEAG 60  
EQQEQRWCG TPLLPRVAE ALSRLAHRVD EAHDEALTD LTAELTPEVG LVGEGHLFGG120  
EKVHCCQRGL NVAQDGAGHI GQQLGQARAL LPSHARCCQR LADVCQAAQE GRPETLQVVA180  
QALAGHSFHD LRGSVCEPGS GQQGPGSPQA PVEAVQRPHQ Q 221

10

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 534

(A) LÄNGE: 52 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

15

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

25 :

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 534:

PSILIPMTPG GFFSVMVRAK TGSTHRCSPA VYPLMRRIPC WRILIGRQET TG 52

30

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 535

(A) LÄNGE: 38 Aminosäuren

35

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

45

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 535:

AGKKPPASHH KESGCPSRPS PTGHSTPPSD PLTDNSVW

50

38

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 536

- (A) LÄNGE: 55 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 536:

SGCVPSHEED SMLEDShRQA RNHRLVIIRN PVVHLGQAPL ATPHRPQIRS LTIQS 55

20

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 537

- (A) LÄNGE: 113 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 537:

TRGPRKRLRR SGRRGGLRSW AGRERVLGTA LLGIYIVFPR IPGSGSEEAV TPYDRRLDS 60  
RNSPQAPAGQ STTSSFCFC DGLESRLKH TVSIDCIRFV QKPGQLTESH FLA 113

40

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 538

- (A) LÄNGE: 101 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 538:

10 EPADSQARGR QCLLLHQVQ GIWLKACIFP GHKLPEPLKW EARQFQTNLF STHHSTFKVC 60  
LLLLPVHPPS LQFFHSLTSE RVPGGSMVNK LTCMLQKKKK K 101

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 539

(A) LÄNGE: 198 Aminosäuren

15 (B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

25 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 539:

30 YSLCSQCVSA PLTLNRHRSR RKRKWWIAQL EPGDCYDCLD LCGHRASQPP QTLSLECGGT 60  
QCRFPGGGLSP RPSPCPPSSS GLLFYRFFLV SFLGLLFTEG TAALGFLVTS ALLGSDGSAS120  
ASWDLGGMGT MASTQMSWK APRKSPYRSR FSRKVGSGTS GGEKSRSEAM AOVACCLTSL180  
LTHHSLEPTP APPRRSPR 198

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 540

(A) LÄNGE: 147 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

40 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 540:

KKNSSALIFL EEAADFGCQI SLRNGHFLRC FFLTESVDKL IKRLSHFKIT PKSSSTVFFF 60  
 FSFCFKITNQ VRSPTSSSMN SFVTELLSVC SPHCALNTVS AAPVCPLFRK ESIFNTFTIC120  
 TPWNLHMLTS YYKPTHPLS SGTGHPL 147

5

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 541

- (A) LÄNGE: 138 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 541:

KNDRFPWTSI PGLKGALIKL FTEHVAEKHI YGLMPLLEA QSTPFQVTPS TMANIVKGLY 60  
 TLRPEWVQMA PTLFSKFIPN ILPPAVESEL SEYAAQDQKF QRELIQNGFT RGDQSRKRAG120  
 DELAYNSSSA CASSRGYR 138

25

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 542

- (A) LÄNGE: 179 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

40

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 542:

45

KACIPSDQSG FRWLQLYFLN LFQTFSLRRW NLNFLNMLLK IRNFKENLYR MVLQGVTSFG 60  
 RELGMSWLII ARQHVVQVPGG TDSECIEYAF LPEKRTHWSC RDCIQSTVGA AHTQELCHKA120  
 VHGRGCWTSY LVCNFKTKTK KKKNSAARLG GDFEMGQSFN EFIYRFCEEK ASQKVTISK 179

50

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 543

- (A) LÄNGE: 92 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 543:

IQFLEAAFAV FLHCMRFGNE CRNLLWAFTF LCQFGFYCLN LMLTWRGDGG QCCCGASSES60  
VCGELCCADV AVGGQVRGSA PSWKKSCLRV YV 92

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 544

- (A) LÄNGE: 99 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 544:

KPNWHRKVNA HSKFLHSFPN RIQCKKTAKA ASRNCIYWPL PEQQAAMPAP WPPELDACCA60  
DVLTLMRMLG YGSDSEEIHL SYSSLERSSC VFNMKHFIW 99

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 545

- (A) LÄNGE: 96 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 545:

QSQNTKVFVP IRIYTDPLTK VLLIMQFASS PSSWLGSPI WHDHIKRTPS DMISSKKVPS60  
LLPDHQRPHQ HNTTLRIQIH CWPHNSTVPH LLSRSA 96

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 546

(A) LÄNGE: 108 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 546:

GRDAGQSEPW LSTSGCCAWG GCAPGARGCW GPGPPSLGVG RKPGRVSAS SVPERWIAWS 60  
PRPSEASATF RGAPKSILTA RLWASAWRPQ HRGSQNERPW SSSMKTSG 108

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 547

(A) LÄNGE: 117 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 547:

PGRRAKRAMA VYVGMLRLGR LCAGSSGVLG ARAALSRWQ EARLQGVRFLL SSREVDMMVS 60  
TPIGGLSYVQ GCTKKHLNSK TVGQCLETTA QRVPEREALV VLHEDVRLTF AQLKEEW 117

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 548

- (A) LÄNGE: 117 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 548:

PLLLELGKGQ PDVFMEDDQG LSFWDPLCCG LQALAHSLAV KMLFGAPLNV AEASDGRGDH 60  
AIHLSGTEEA DTLQPGFLPT PREGGPGPQH PRAPGAQPPQ AQHPDVDSHG SLCPASR 117

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 549

- (A) LÄNGE: 68 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

35 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 549:

RLSGPAANPR GAAGWRAAGA QELGMSYKPM RPWLPSSTPW SARHPLGPGA PRFPDREACA60  
CAVRGCSV 68

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 550

- (A) LÄNGE: 68 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja



(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 550:

10 GHCSPPARRTR TPFCQGTGVP RAPGGAWQTR GCCWAARGAW VCRTSPTPGR QRHASRPLL60  
GWLGRSA 68

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 551

15 (A) LÄNGE: 68 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 551:

30 DTAAPHGARA RLPVREPGCP GPQGVPRPG GAAGQPGAHG FVGHPQLLGA SGTPAGRSSG60  
VGCGAAQP 68

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 552

35 (A) LÄNGE: 32 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 552:

50

SPISITETQQ FSNLIHTIT CLLRMALYLF SL

32

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 553

- 5 (A) LÄNGE: 33 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

15 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 553:

20 ITLQPISQNM FLLLNNTQLF YLCVLFMPDH QYQ 33

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 554

- 25 (A) LÄNGE: 43 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

35 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 554:

40 SFYFGWSHYN ENKYNAILNR QVMVCIKLLL NCCVSVIDIG DQA 43

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 555

- 45 (A) LÄNGE: 85 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 555:

10 CFTHWNVFPR LWMTSFLMER VQEGWKTPGF KLSIPHMGFS IIFRPEAARP EVRLHLSALF60  
VLLLATLGFL LGTMC GCGMC EQKGG 85

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 556

15 (A) LÄNGE: 106 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 556:

30 FNDGKTWQLK KTLVTNGGFL LFFPHPPFCS HMPQPHMVPS RNPKVARSSST KRADKCRRTS 60  
GRAASGLKMI EKPMWGMLSL NPGVFHPSWT LSIRKEVIHN RGKTFQ 106

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 557

35 (A) LÄNGE: 109 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 557:

50 NINYIEIIFL FLLISPLGP HRLSPAQLAQ LAQLAHSPQV SRRHRALTMV GWHGVSNVAN 60  
SSHHPHPHSP SQRPLVVGPA VFQKGLTCTN LRQTYAPFSV SLASPSWED 109

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 558

- 5 (A) LÄNGE: 50 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 558:

20 LGIFVAYRNQ LGVPSLMRCS WKAIYARGGF TFVAPPFIDP SAFKKLECEN 50

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 559

- 25 (A) LÄNGE: 44 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 559:

40 FRLPFLTWHF CSLQEPAWCT FSYEMQLESH LCKRWFHFCR SSIH 44

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 560

- 45 (A) LÄNGE: 45 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

5 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 560:

10 RVNEWRSKDS ETTSCINGFP AASHKRRYTK LVPVSYKNAK LRMGV

45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 561

(A) LÄNGE: 34 Aminosäuren

15 (B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

25 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 561:

30 MRSRLPCEGL VARHPREL RV PSVRFWIDWP WVL T

.34

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 562

(A) LÄNGE: 67 Aminosäuren

35 (B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

45 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 562:

50 VSTHGQSIQK RTEGTRSSRG CRATSPSHGN RLLIQESFPQ NPPRARFQGH PLGRQSRQQP60  
FTEAMSQ

67

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 563

- 5 (A) LÄNGE: 50 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 563:

20 APMASQSRSA LRARVAHAGA VPPALHTAID SSFRNHFLKT HQGLGSKGTR 50

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 564

- 25 (A) LÄNGE: 54 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 564:

40 YSIIFEQFFK CKSVSYSECV SEVIKDISQR YWPISLCNQR NSVSRLLLCV ICGS 54

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 565

- 45 (A) LÄNGE: 57 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 565:

10 CTMVNVDNTV SFLSSFLNVN LYLTQSVCLK LLRTFPNVTG PFPFVIRGIL FQDYCCV 57

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 566

15 (A) LÄNGE: 49 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 566:

30 EKCQPHSLIL LWPENFILIK SHRSHTTIIL KQNSSDYKGK WASNVGKCP 49

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 567

35 (A) LÄNGE: 94 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 567:

50 GEGRVWNPEG SKSRHWPDPH APWAPSPRQE QLFSIPSQTS SIFITMTFRE VSQASSRCPT60

IPSGGKRQEN SPRVPVMLLS PSQFRLSRTS YLQP

94

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 568

- 5 (A) LÄNGE: 89 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF  
 (iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 568:

- 20 GLTLKKGTFF RGPEIQADPN LTPCSRTQAH RPLNSNPTSP PPPPTPDFLI SWNAFQDWKS60  
 PQGSSEPILS PARISSMHPG HAFHISRNK 89

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 569

- 25 (A) LÄNGE: 89 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF  
 (iii) HYPOTHETISCH: ja

- 35 (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 569:

- 40 DVLDSLNDWG ESSMTGTRGE FSCLEFPPEGI VGHLELAWET SLKVIVIKIE LVWEGMENS60  
 SCLGLGAQGA GWSGQCLDLL PSGFHTRPS 89

45 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 570

- 50 (A) LÄNGE: 73 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear



(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 570:

KSIAHSVIGY FHDFKWFYEE TESSDDVEVL TLKKFKGDLA YRRQEYQVEF NIWCLKWALV60  
LSVMAYVNNS VPS 73

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 571

(A) LÄNGE: 40 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

20 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 571:

SADSQEIQRR PGLQTTRVSG RIQHMVLEVG SCFISYGICK

40

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 572

(A) LÄNGE: 60 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

40 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 572:

NKSP LQAPYV EFYLILLSSV GQVSFEFLES QHFNIIITAF C FFIKPLEIMK IAYYRVSYAF60

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 573

5

- (A) LÄNGE: 318 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 573:

25

GNLSLESLCN LYNWRYKNLG NLP HVQLLPE FSTANAGLLY DFQLINVEDF QGVGESEPNP 60  
YFYQNLGEAE YVVALFMYMC LLGYPADKIS ILTTYNGQKH LIRDIINRRC GNNPLIGRPN120  
KVTTVDRFQG QQNDYILLSL VRTRAVGHLR DVRRLVVAMS RARLGLYIFA RVSLFQNCFE180  
LTPAFS QLTA RPLHLHIPT EPFPTTRKNG ERPSHEVQII KNMPQMANFV YNMYMHLIQT240  
THHYHQTL LQ LPPAMVEEGE EVQNQETELE TEEEA MTVQA DIIPSPTDTS CRQETPAFER300  
ESRPGGEGAI ALGGLGCF 318

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 574

30

- (A) LÄNGE: 67 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 574:

KTPKPPQRNC PFPTGAALTL KGWSFLTAAG VCWTGYDVSL NSHGLFFCFQ LCFLILNFLT60  
LFYHSRW 67

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 575

- (A) LÄNGE: 155 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 575:

SLMIMMCSLY QMHVHVYKV CHLGHIFYYL YFMRWSLSIL SSSWERFCWN YMOMKGASCE 60  
 LTESWSQFKT VLEEGYSGED IKSKSGSRHG HYQATDIPQM AHCPGSYQRK KNIVILLTLK120  
 SINSCHLVWS SNQWIVSTSS IDDVANKMLL AIICC 155

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 576

- (A) LÄNGE: 57 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

35 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 576:

DHLGFISTKM RTNHGVRKGS LEEHKNLKL GGYHYIISYF HRSDLAKLCI LSLTTFI 57

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 577

- (A) LÄNGE: 48 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 577:

FKFFLMTIFL QNFERKMCSF CCILCKKTAN RGKRTLQIKT ILVSFPQR

48

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 578

(A) LÄNGE: 48 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

25 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 578:

LYFFKTLKEK CVLFAASFVR RLPTEEGLY KLRPSWFHFH KDENKSWC

48

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 579

(A) LÄNGE: 48 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

45 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 579:

GSFPNTMICS HLCGNETKMV LICKVLFPLL AVFLQRMQQK EHIFLSKF

48

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 580

- (A) LÄNGE: 48 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 580:

HCRILQGLSP LVGREKTTQV MRNFYSFQEL EEQLLIKFA LVTKYFYS

48

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 581

- (A) LÄNGE: 59 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 581:

IMPRAPLYRI PLNCNYVLLK SQLVKEELMV SVFVGNTCNT AEFYKGFLW WAGKKPLKS 59

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 582

- (A) LÄNGE: 44 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 582:

GTLRPRSSDV LPIYLCFTTC LLSLTPNIFT YFSNSACHKF AASP

44

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 583

10

(A) LÄNGE: 46 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

25 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 583:

NVDSCQTHSL ALIPPLLSSS DIVNNDKQLL CTECFMCCS HFIHMY

46

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 584

30

(A) LÄNGE: 41 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

45 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 584:

LYMCIKCEQH IKKHSVHSSC LSLLTISLLE RRGGIRARLC V

41

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 588

50

- (A) LÄNGE: 112 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

15 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 588:

GKPLVLHATP LSRCLPLHP TRSLILRPSL H LSDPSFHYY LQRC SYYPV YRG CPTMTVP 60  
SQSNYSSGPK VWLSRAPLPR RGRPFQALPG WNWCRRLGC IVRPGVGVAS LL 112

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 589

- (A) LÄNGE: 76 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 589:

GRSREAPAGW PKSTKPPSAR ENPWFSMPHL SPGALCLFTP QEALSYVLLS IYRTPVSITI60  
SRDVAIMRPS TGGARR 76

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 590

- (A) LÄNGE: 97 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 590:

AGLDQKEELR GVRQHQHGV RYTRGSSDTS SSPEGLGMAC HAGAMERVKA KPWDPKSNLT60  
AKAPSSSGTP CRRAHNSYIS GDSDGNWGPI DGEKDVG 97

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 591

(A) LÄNGE: 63 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 591:

NGARLTSQPQ LYQRNHFIQI SQHFQRNTNV YGRVNIRSEN PLEEISVSMF IISAFRGLPV60  
WAK 63

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 592

(A) LÄNGE: 50 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 592:

NGSFGTVGAV MSTWLHKNP YEIFTVKFNY TCVTADFGGR QGLGLPFYLS

50

50



## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 593

- (A) LÄNGE: 55 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 593:

AYLFIFLKGK NTFTFSSSPE AQTLLYLTTT QLTPLCDHQ C GVVRLKDDSG HMTSL 55

20

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 594

- (A) LÄNGE: 41 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 594:

SGDVCTESH C GLSRVKEKEQ QELSLGRWRR GGIDQARPWP W 41

40

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 595

- (A) LÄNGE: 47 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 595:

FKVGLWKGDI VEGERAVLYT YKWYTPFIHG GQRSSDQVTY VQKVTVA

47

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 596

(A) LÄNGE: 44 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 596:

SVLTTSQRLS SHFKSQIPTR AKVLLDLFHP FSTSLSSTLA APSP

44

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 597:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
(A) LÄNGE: 1651 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

40

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

45

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

50

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 597

```

GAGCTGCCAA GCAGCCCACC TCCTGGGCTT CCCGAAGTGG CCCCAGATGC AACCTCCACT 60
GGCCTCCCTG ATACCCCGCG AGCTCCAGAA ACCAGCACCA ACTACCCAGT GGAGTGCAC 120
GAGGGGTCTG CAGGCCCCCA GTCTCTCCCC TTGCCTATTC TGGAGCCGGT CAAAAACCCC 180
5 TGCTCTGTCA AAGACCAGAC GCCACTCCAA CTTTCTGTAG AAGATACCAC CTCTCCAAAT 240
ACCAAGCCGT GCCACCTAC TCCCACCACC CCAGAAACAT GGGGGGGGGG GGGGGGGGGG 300
GCGCCGTCAT CTACTCCTTG TTCAGCTCAC CTGACCCCTT CCTCCCTGTT CCCTTCCTCC 360
CTGGAATCAT CATCGGAACA GAAATTCTAT AACTTTGTGA TCCTCCACGC CAGGGCAGAC 420
GAACACATCG CCCTGCGGGT TCGGGAGAGG CTGGAGGCC TTGGCGTGCC CGACGGGGCC 480
10 ACCTTCTGCG AGGATTTCCA GGTGCCGGGG CGCGGGGAGC TGAGCTGCC TGCAGACGCC 540
ATAGACCACT CAGCTTTCAT CATCCTACTT CTCACCTCCA ACTTCGACTG TCGCCTGAGC 600
CTGCACCAGG TGAACCAAGC CATGATGAGC AACCTCACGC GACAGGGGTC GCCAGACTGT 660
GTCATCCCTT TCCTGCCCTT GGAGAGCTCC CCGGCCAGC TCAGCTCCGA CACGGCCAGC 720
CTGCTCTCCG GGCTGGTGCG GCTGGACGAA CACTCCCAGA TCTTCGCCAG GAAGGTGGCC 780
15 AACACCTTCA AGCCCCACAG GCTTCAGGCC CGAAAGGCCA TGTGGAGGAA GGAACAGGAC 840
ACCCGAGCCC TCGGGGAACA GAGCCAACAC CTGGACGGTG AGCGGATGCA GGCGGGCGCA 900
CTGAACGCAG CCTACTCAGC CTACCTCCAG AGCTACTTGT CCTACCAGGC ACAGATGGAG 960
CAGCTCCAGG TGGCTTTTGG GAGCCACATG TCATTGGGA CTGGGGCGCC CTATGGGGTC1020
AGAATGCCCT TTGGGGGCCA GGGGCCCTG GGAGCCCGC CACCCTTTC CACTTGGCCG1080
20 GGGTGCCCGC AGCCGCCACC CCTGCACGCA TGGCAGGCTG GCACCCCGC ACCGCCCTCC1140
CCACAGCCAG CAGCCTTTC ACAGTCACTG CCCTTCCCGC AGTCCCGAGC CTTCCCTACG1200
GCCTCACCCG CACCCCTCA GAGCCCAGG CTGCAACCCC TCATTATCCA CCACGCACAG1260
ATGGTACAGC TGGGGCTGAA CAACCACATG TGAACACAGA GAGGGTCCCA GGCGCCCGAG1320
GACAAGACGC AGGAGGCAGA ATGACCGCGT GTCCTTGCC TACCACCTGG GGAACACCCC1380
25 TGGACCCAGG CATCGGCCAG GACCCCATAG AGCACCCCG TCTGCCCTGT GCCCTGTGGA1440
CAGTGGAAGA TGAGGTCATC TGCCACTTTC AGGACATTGT CCGGGAGCCC TTCATTAGG1500
ACAAAACGGG CGCGATGATG CCCTGGCTTT CAGGGTGGTC AGAACTGGAT ACGGTGTTTA1560
CAATTCCAAT CTCTCTATTT CTGGGTGAAG GGTCTTGGTG GTGGGGGTAT TGCTACGGTC1620
30 TTTTAATTAT AATAAATATT TATTGAATGC T 1651

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 598:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
- 35 (A) LÄNGE: 3304 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear
- 40 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 45 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:
- 50 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 598
- 55 AAACCTCTT GGCTGTCTGC TGTCACAGGA GTCGCCACTC CCTTCATTAT AGCCTTGCTC 60  
AGAGTGCAGC GGCAGGCCTG GGGATGGCCT CGGGAGAGGG ACCACAGAGC ACCAGCCTGC 120  
ATGGAACCTC CTTCCTCACT CAGCTTCCCA CGTGCCAGC TGGGACAGG GAGATGGAGT 180

AATTTTGCTG TGGAAAGACT TCACGTCTTG CCGAATGAAA GTCCCGCCTG TCTGTCACGC 240  
 TGATGCCCGT GCAGCTGTCT GAGCACCCGG AATGGAATGA GTCTATGCAC TCCCTCCGGA 300  
 TCACTGTGGG GGGCCTTCCT GTGCTGGCGT CCATGACCAA GGCCGCGGAC CCCCCTTCC 360  
 GCCCCGCTG GAAGGTGATC CTGACGTTCT TTGTGGGTGC TGCCATCCTC TGGCTGCTCT 420  
 5 GCTCCACCG CCCGGCCCCC GGCAGGCCCC CCACCACAA TGCACACAAC TGGAGGCTCG 480  
 GCCAGGCGCC CGCCAACTGG TACAATGACA CCTACCCCT GTCTCCCCA CAAAGGACAC 540  
 CGGCTGGGAT TCGGTATCGA ATCGCAGTTA TCGCAGACCT GGACACAGAG CCAACCGCCC 600  
 AAGACGAAAA CACCTGGCGC AGCGACCTGA AAAAGGGCTA CCTGACCCTG TCAGACAGTG 660  
 GGGACAAGGT GGCCGTGGAA TGGGACAAAG ACCATGGGGT CCTGGAGTCC CACCTGGCGG 720  
 10 AGAAGGGGAG AGGCATGGAG CTATCCGACC TGATTGTTT CAATGGGAAA CTCTACTCCG 780  
 TGGATGACCG GACGGGGGTC GTCTACCAGA TCGAAGGCAG CAAAGCCGTG CCCTGGGTGA 840  
 TTCTGTCCGA CGGCGACGCG ACCGTGGAGA AAGGCTTCAA GGCCGAATGG CTGGCAGTGA 900  
 AGGACGAGCG TCTGTACGTG GCGCGCCTGG GCAAGGAGTG GACGACCACT ACGGGTGATG 960  
 TGGTGAACGA GAACCCGGAG TGGGTGAAGG TGGTGGGCTA CAAGGGCAGC GTGGACCACG1020  
 15 AGAACTGGGT GTCCAACTAC AACGCCCTGC GGGCTGCTGC CGGCATCCAG CCGCCAGCTA1080  
 ACCTCATCCA TGAGTCTGCC TGCTGGAGTG ACACGCTGCA GCGCTGGTTC TTCCTGCCGC1140  
 GCCGCGCCAG CCAGGAGCGC TACAGCGAGA AGGACGACGA GCGCAAGGGC GCCAACCTGC1200  
 TGCTGAGCGC CTCCCTGAC TTCGGCGACA TCGCTGTGAG CCACGTCGGG GCGGTGGTCC1260  
 CCACTCACGG CTTCTCGTCC TTCAAGTTCA TCCCCAACAC CGACGACCAG ATCATTGTGG1320  
 20 CCCTCAAATC CGAGGAGGAC AGCGGCAGAG TCGCCTCCTA CATCATGGCC TTCACGCTGG1380  
 ACGGGCGCTT CCTGTTGCCG GAGACCAAGA TCGGAAGCGT GAAATACGAA GGCATCGAGT1440  
 TCATTTAACT CAAAACGGAA AACTGAGCA AGGCCATCAG GACTCAGCTT TTATAAAAAC1500  
 AAGAGGAGTG CACTTTTGTT TTGTTTGTG CTTTTGGAA CTGTGCCTGG GTTGGAGGTC1560  
 TGGACAGGGA GCCCAGTCCC GGGCCCCATA GTGGTGCGGG CACTGGACCC CCGGGCCCCA1620  
 25 CGGAGGCCGC GGTCTGAAC TCTTTCCATG CTGCCATCTG GTGGTGATTT CGGTCACTTC1680  
 AGGCATTGAC TCAAGGCCTG CCTAACTGGC TGGGTCGTTT CTTCCATCCG ACCTCGTTTC1740  
 TTTTCTTTCC TATGTTCTTT TGTTCACTGA ATATCCCTAG AGCTCCTACC ATATGTCAGG1800  
 CCCTATGCC TACCCTGAGA ACGCAGTGAG CATGAGGTGG ACCTGTTTGC TGGGAACCCC1860  
 AGGTCACCCC CTTTTCTTCC CAACTTGGT GCCTTGGAAG AATCAGGTCC AGCCCTGAAG1920  
 30 ATCCTTGGGG AAGAAAATGT TTATGTTGCA GGGTATTGCA TGGTCACGAG TGAGGGGCAG1980  
 GCCCTTGGGG GACACATCTG CCCACAGCTG CACAGGCCAG GGGCACAGGC ACATCTGTTG2040  
 GTTCTCAGGC CTGAGATAAA ACCATCTCCG CATCATATGG CCAGTGACCG CTTTCTCCCT2100  
 TCAAGAAAAT TCTGTGGCTG TGCAGTACTT TGAAGTTTAA ATTATTAACC TGCTTTAATT2160  
 AAAGCAGTTT CTTTCTTAT AAAGTGAAT CACCAAATCT TATCACACAG AGCACAGTCC2220  
 35 TGATGTTACC CAGCCCGCTC CAGCAGTGCG GGAGATTGTA AGGAAGCGGT GCGGCTGGT2280  
 GAAGCAAGTC TCACATGTCG GCGTTCCTGG CCAATGGATA CAAAGATAAA GAAAATGTTG2340  
 CCTTTTCTA GGAAGTGTCA GAAATCTCA TGCTTTTCAA GACTTCTGTG AATGACTTGA2400  
 ATTTTATTAT CCCTGCCTAG GGTCTGTGAA CGAGGCCCTG CTCTTCCCTG GGGTTTCTTT2460  
 CCATGGCCTT TATTTCTCCT CTTCCAGTGG GAGTTTGTGA GGCTCTTCTC TGTGGAAACT2520  
 40 TCACGAGCGT TGGCTGGGCC TCGGCTTCGC TGGAGTGAC TCCAGGGTGA AGGCAGAGTG2580  
 GGATTGAGA CCCAGGTTAG GCACGACCCA GGCTGAGAAG GGACGTTTCC ATCATTACA2640  
 GTGCCCTCCC CACAGCAACT ACCTACCCCC GACCCCCACC CTCCTCCTA CCCCACCCCG2700  
 CGATCGTCAG GGGTGCCACG GTGGGCCGGA GGGTGCCGCG TCTGGCTGTC CCTGTGCCCG2760  
 TCCCTACAA ACCTCTCCCC CTTTGAAGT CAAGCACAGC TGCGAGGAGG GCAGCGAGGA2820  
 45 GGGACCCCTC TCTCATGGTT GTCTCTTTCC CCCGCTATGT CATAGGTAGT GGAGGAAGCG2880  
 AAGGAAGTGA ACGCTGAATG TGACGCATTT CTGAAGAGCT CAGCTGTCAC CCGGCATAGC2940  
 CTGGAAGCCC CAAGTCTGTT CTGACTTTGC CTGGCTGTCT CTTGACCCG CCTCCTAGAT3000  
 CATTGTCTT GATGTCCAGG CTGGGTCAAT TAAATAGAG ATGCAATCAG GAAGGTTGGG3060  
 GGACTTGGGA CTGTGGCTGA ATTGAGACCT TGCTGATGTA TTCATGTCAG CACCTGAGTC3120  
 50 ACAGCCCAGG TGCCCGGAAG CAGCCTCTTC GCATAGGCAG TGATTTGCGA TTACTTTAAA3180  
 GCTCACCTTT TTTCTTCCCC TCTCTGTTCC CTGCTGTCAG CATAATGATT GTGTTCTTC3240  
 CCTATGGGAT CCATCTGTTT TGTAACAAT AAAGCGTCTG AGGGAGTGTA AAAACAGAT3300  
 GGAT 3304

55 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 599:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 878 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

60

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

5 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:  
10 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

15 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 599

```

GCGGCCGCGC CAGTCTCGCT TCATGACGCA GCCGGTGACC TTCGACGAGA TCCAGGAGGT 60
GGAGGAGGAG GGGGTGTCCC CCATGGAGGA GGAGAAGGCC AAGAAGTCGT TCCTGCAGAG120
20 CCTGGAGTGC CTGCGCCGCA GCACGCAGAG CCTGTCGCTG CAGCGGGAGC AGCTCAGCAG180
CTGCAAACTG AGGAACAGCC TGGACTCCAG CGACTCCGAC TCGGCCCTGT AAGGGGCGCC240
GCCC GCGGGG GGGACGCGCG CGTCCGCGGT CCGCGCGGGG ACCGGCGTGT GAACCCCGAG300
AGTGCCCGCG CCCTGCTCCC GGGGGACCCG CAAGGACCCG GGACCGCCGC TCCTCGCGCG360
CTCGGACTCC CGCCCCGCTG CGAACC GGTCGCGCCC TCGCCGCGCT CGCCCTGGCC420
25 CGGGAGCGCC GGGAGCGGGG CCGCTTTCCT CGTCCTTGTA AATGTTTATT TTTAACTCT480
TCCCAGTGCG AACTCTGCTG TGAGTGTGTG CGGGGAGGCG CGCCCGCGCT GAGTCGGCGG540
CGGGTAGCCA CTCCATGCCC TTGTCCGATG GTTGCAACT CCGATTTTGC ACACCGCTCC600
ACCGTGCCCC CCAGCGCACA CCCATT CACA CTCACGCCAA CACTCTCGCT GAACACTTTT660
ATAATTGTTA GCGGTGGCCG TTGGGACTTT GGGCGCAGCG CGGCTGCTAC TGCGTCTGGA720
30 GGATTGATAT TTATTTTTCG ATTGCGATGG CTGAAGGCAT TTATTTAACG ATCTTTTAC780
CTGGATATGT CTGTGAGGCT CCGAAAGGA GACAAATAAA GTCAATATAT TTGCACAGTG840
CAAAAAAAAA AAAGAAAGAA AAGAGAAGGT TCGAGAAA 878

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 600:

35 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
(A) LÄNGE: 2760 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
40 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

45 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:  
50 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 600

5 CACCCAACTT GTGTTGTTGC CGCCCGGCCC TTNCCTCCAC AGNTCTNCTT NCTNCCGCCC 60  
 GGCACCTTCTG TGGACCCCTT NTAGTTCAC AGGCACGGNT GGGGCCGGTC TGTGCTGGCG 120  
 NCTGCTGGCC ACTGAGGGAC AGGGACACGT GCCACCTGCT CATCTCTGCC CTGAGGTCAC 180  
 CCCGTGGTCC CTCCACGTGC CCATCTCTCT GCAGTGCCCT CCTCGCCTGT GCAGCCCGCC 240  
 CACCCACAGG CTCACCCCTC CTGCCGGCTG CCAGAGGCCC CCTCCAGCAG GGCCTCTCTC 300  
 CGTNGCCCCA GCTTCACTCT CCCCCTCAG ACCTGCCCTG CTGGAGGCCC CAGCCCTCCG 360  
 10 TGGACAGCAG GGGCCACGTG GAGCCCGGGC CGCTCACCCG CCACCCAGTG CTGGCCGCCCT 420  
 TCTTGGTGCC AAACCCCTT CCCCCACCA GAGACTGGGC AGCTGTGTCT GGTTCGTCTC 480  
 TTGCACTAAC CACATTTGTC ATCTCTAGGG CAGGCTGGGG CTGCCGGCTG AGGGGGACCG 540  
 CTGGCACCCC CCTTCCCTCC CTTCTGGTT CCATTTCCAT CCATGACAGG TACAGCATCC 600  
 CAGGAGCCCG GCTGAGGGG CTGGACCCGA GCCGGCTGTG AACATCCCTC AGCCCTGTCT 660  
 15 GTCCCCCTT GGGACTAACC ACTAACCTCA CCCCCAACT CCACGGGTGC CCCTAGCTGG 720  
 CCCAGAGCCG CAGTGTGAG CCCAAGTCCG GGCTGGAGCC GAGGCCGGAG CAGCTGTCTG 780  
 GGAGTCAAGG CTGCAGTAGC GTTCTTCAT GGGGTGCTCC AGGGGGTGCC ACAGACCGAC 840  
 AGGCAGCCCA AGGCCTGGA CACCCCTCCC CAGGCAGGTG CTGCCCCAGG AGGACTGTCC 900  
 TCGGGAATGA ACCTCCCGG GGCTTTGGAC TGAGGTCCCT GTGGCCTCGG TCTCCTCCCC 960  
 20 ATGAAGTGGG AGCGAGGCTC CCCAATGGTG CTTTTGGCTT TAGTGACGA TGTGTGCTGT 1020  
 GCTTCCCGCC GTGGAGGGCA GAGCCACCCC ACATCAGGAT CGGACGTGCT ACCCTCCCCG 1080  
 GTCCCGGCCC TGGCCAGCC AGCCAGCCC TCGAGGCTCG ATGCCTGTGC CAAGGCCAGG 1140  
 GGCAGCCAGA GGGCAGCTGG ATGGCCACGT GCAGGGGTCA AGGCTGGGCC CTGCAGTGGG 1200  
 GCGGGCCGCC AGCCCCAGCA GTTTACAGAC GCATGGCTCT TCCTCCAGCA GCAGCCGGCA 1260  
 25 GCTACCTGGA CCGGAAATGT CCTCATCCCC TCCCTGGGGC CAGGCTCTGC CCTGGCCTTC 1320  
 CTCTGTGAAC CCCTCCTTTC TTTGTGCTGG TGTCTGGGAC CAAAAGGGG GAATATGGGA 1380  
 GGGCAGAGTG GGGAGGGGAG TCCATGGGCC TGGGGCCCCA AGCCGGGGCG TCTGAGCTCC 1440  
 CCAGGCATGA CCAAACCTCA GTGGAGGGGC CTCTGCTTCA GGCCCCGCTT GGCTGACATT 1500  
 CTGAGCCCCC CTCGGAGGCC CCGCCACAGC CAACCTGCCC AGTCTTTCCT CTGGGCTTGA 1560  
 30 CCCGCCAGGG GAGTTCTCCA GGCCTAGGGC CAGGAGAGAG GCCCTGGCAC CCTGGCGTGG 1620  
 GTGCCGCCCA AACGCCCTGC GACCGCTACA GAAGCACAAA TGCTGTCCAT GGCCGTGAGG 1680  
 CTGCCTGCCA GGTGAATGGA CATAGCGTGA GAGGCGGTGA GGCCAGGGCT TCCAGCCTCG 1740  
 TGCTGTCTCG GGAATCCTGA CCGTGGTGTG CGTGTGTGCC CGTCTGTGAC TTTCTACTCA 1800  
 CCAAGGTTGA AGAAAGGAAA CGGGGAAAAT CAAAAGGGGT TCAAACCCCA CCTCAGTAGG 1860  
 35 TGGAGGGGAG CGCCTGCCAT TGGTTGTATT TTTGTTCTGA GTTTTCGGTG CCGTGTTCCT 1920  
 AACTACTCCA TCCCATGACC TCGCCACACC TACTGGGGCA TCTGGCTGGT GCCTGTGCC 1980  
 ATGGCCAGCC CCCACTTCTC ACCCTGCACA GGGGGTCTTG CAGCCCCCAG GCCACAGCC 2040  
 TCGTTGGGAG GACAGGGTGG CCCTGGGGAC AAGAGGGAGG AGCCAGGGG CTTACCTCAC 2100  
 TGAGAGTGCT CCCCAGCAGG CATCCACTAC CCCAGGGCCC CCCACATGTC ATGGCAAGGT 2160  
 40 TGGTAGTGAA TGGGCCTGGT TGGGAGCAGC CCCTGGCCCA TTGCCACCC ACCCATCTCA 2220  
 CTATGCAATT CGAGTTCCAA GCAACATTTG CTCCTGCCCT GGGGCCAGCT CTGCCCCAGC 2280  
 CCTGAGAGGG GTGGTGAGGC AGCCCCCTGG ACCCCAGAAG CCCAGACAAG GGGCAGGCG 2340  
 GGGGACCAGG GCCTCTCTG TGGGATCTTT GTTTTGTGTT TAACCATAAT GGTGTGTAC 2400  
 TGAACCACTT CATATTTGTT ATATATAATA TATATATA TAATCTCCTT AAGACTCAGC 2460  
 45 CTCCTGGTTT ACCCCCCCGG CCTGGGCATC TGACCTCCCC CACCCAGTG TGATTTAACA 2520  
 TCCAGGAACT GAGGCCTGAA CCATTTTGCA TTTCCCCCTC CTCCAGCCTC TGAGGGCCA 2580  
 TGGCTGTATG TACTGTGCT GTGTTTTTTT GTTTTTTTAG AACTGGGTTT GGGGCTGAT 2640  
 TTTTATTTCT TTGGGGGCTT TTTTCTTGG CAAATACTAA AAATCTCGTC AATGTAATTT 2700  
 CTGTGGTTTC TATTCAGCTT GGTTTCATG TTTTAAATA AATTTTAAAA AGCAAAAAA 2760

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 601:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 55 (A) LÄNGE: 1021 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

60 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

10

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 601

```

15 GCGCGGGGCCG CGAGAGCAGT AGGTGTTAGC AGCTTGGTCG CGACAGGGGC GCTAGGTAGA 60
 GCGCCGGGGAC CTGTGACAGG GCTGGTAGCA GCGCAGAGGA AAGGCGGCTT TTAGCCAGGT 120
 ATTTCAAGTGT CTGTAGACAA GATGGAATCA TCTCCATTTA ATAGACGGCA ATGGACCTCA 180
 CTATCATTGA GGGTAACAGC CAAAGAACTT TCTCTTGTC AACAAGACAA GTCATCGGCT 240
 ATTGTGGAAA TATTCTCAA GTACCAGAAA GCAGCTGAAG AAACAAACAT GGAGAAGAAG 300
20 AGAAGTAACA CCGAAATCT CTCCCAGCAC TTTAGAAAGG GGACCCCTGAC TGTGTTAAAG 360
 AAGAAGTGGG AGAACCAGG GCTGGGAGCA GAGTCTACA CAGACTCTCT ACGGAACAGC 420
 AGCACTGAGA TTAGGCACAG AGCAGACCAT CCTCCTGCTG AAGTGACAAG CCACGCTGCT 480
 TCTGGAGCCA AAGCTGACCA AGAAGAACAA ATCCACCCA GATCTAGACT CAGGTCACCT 540
 CCTGAAGCCC TCGTTCAGGG TCGATATCCC CACATCAAGG ACGGTGAGGA TCTTAAAGAC 600
25 CACTCAACAG AAAGTAAAAA AATGGAAAAT TGTCTAGGAG AATCCAGGCA TGAAGTAGAA 660
 AAATCAGAAA TCAGTGAAAA CACAGATGCT TCGGGCAAAA TAGAGAAATA TAATGTTCCG 720
 CTGAACAGGC TTAAGATGAT GTTTGAGAAA GGTGAACCAA CTCAACTAA GATTCTCCGG 780
 GCCCAAAGCC GAAGTCAAG TGAAGGAAG ATCTCTGAAA ACAGCTATTC TCTAGATGAC 840
 CTGGAATAG GCCCAGGTCA GTTGTCTCT TCTACATTG ACTCGGAGAA AAATGAGAGT 900
30 AGACGAAATC TGGAACCTCC ACGCCTCTCA GAAACCTCTA TAAAGGATCG AATGGCCAAG 960
 TACCAGGCAG CTGTGTCCAA ACAAAGCAGC TCACCGACTA TACCAATGAG CTGAAGCCAG 1020
 G 1021

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 602:

35

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2889 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

40

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

45

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

50

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

55

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 602

```

GATCAGGCCT GTGGTCCAGC TCACTGCCAT TGAGATTCTA GCTTGGGGCT TAAGAAATAT 60
GAAAAACTTC CAGATGGCTT CTATCACATC CCCCAGTCTT GTTGTGGAGT GTGGAGGAGA 120
5 AAGGGTGGAA TCGGTGGTGA TCAAAAACCT TAAGAAGACA CCCAACTTTC CAAGTTCCTGT 180
TCTCTTCATG AAAGTGTTCT TGCCCAAGGA GGAATTGTAC ATGCCCCCAC TGGTGATCAA 240
GGTCATCGAC CACAGGCAGT TTGGGCGGAA GCCTGTCGTC GGCCAGTGCA CCATCGAGCG 300
CCTGGACCGC TTTCGCTGTG ACCCTTATGC AGGGAAAGAG GACATCGTCC CACAGCTCAA 360
AGCCTCCCTG CTGTCTGCCC CACCATGCCG GGACATCGTT ATCGAAATGG AAGACACCAA 420
10 ACCATTACTG GCTTCTAAGC TGACAGAAAA GGAGGAAGAA ATCGTGGAAT GGTGGAGTAA 480
ATTTGATGCT TCCTCAGGGG AACATGAAAA ATGCGGACAG TATATTGAGA AAGGCTATTTC 540
CAAGCTCAAG ATATATAATT GTGAAGTAGA AAATGTAGCA GAATTTGAGG GCCTGACAGA 600
CTTCTCAGAT ACGTTCAAGT TGTACCGAGG CAAGTCGGAT GAAAAATGAAG ATCCTTCTGT 660
GGTGGAGAG TTTAAGGGCT CCTTTCGGAT CACCTCTG CCGGATGACC CCAGCTGCGC 720
15 AGCCCTCCCG AGACAGTTTC GGGAAATACC TGACAGCGTC CCACAGGAAT GCACGGTTAG 780
GATTTACATT GTTCGAGGCT TAGAGCTCCA GCCCCAGGAC AACAATGGCC TGTGTGACCC 840
TTACATAAAA ATAACACTGG GCAAAAAAGT CATTTGAAGC CGAGATCACT ACATTCCCAA 900
CACTCTCAAC CCACTCTTTG GCAGGATGTA CGAAGTGAAG TGCTACTTAC CTCAAGAAAA 960
AGACCTGAAA ATTTCTGTCT ATGATTATGA CACCTTACC CGGGATGAAA AAGTAGGAGA1020
20 AACAATTATT GATCTGGAAA ACCGATTCTT TTCCCGCTTT GGGTCCCACT GCGGCATACC1080
AGAGGAGTAC TGTGTTTCTG GAGTCAATAC CTGGCGAGAT CAACTGAGAC CAACACAGCT1140
GCTTCAAAAT GTCGCCAGAT TCAAAGGCTT CCCACAACCC ATCCTTTCCG AAGATGGGAG1200
TAGAATCAGA TATGGAGGAC GAGACTACAG CTTGGATGAA TTTGAAGCCA ACAAATCCT1260
GCACCAGCAC CTCGGGGCCC CTGAAGAGCG GCTTGCTCTT CACATCTCA GGAATCAGG1320
25 GCTGGTCCCT GAGCACGTGG AAACAGGAC TTTGCACAGC ACCTTCCAGC CCAACATTC1380
CCAGGGAAAA CTTGAGATGT GGGTGGATGT TTTCCCCAAG AGTTTGGGGC CACCAGGCC1440
TCCTTTCAAC ATCACACCCC GGAAAGCCAA GAAATACTAC CTGCGTGTGA TCATCTGGA1500
CACCAGGAC GTTATCTTGG ACGAGAAAAAG CATCACAGGA GAGGAAATGA GTGACATCTA1560
CGTCAAAGGC TGGATTCTTG GCAATGAAGA AAACAAACAG AAAACAGATG TCCATTACAG1620
30 ATCTTTGGAT GGTGAAGGGA ATTTTAACTG GCGATTTGTT TTCCCGTTTG ACTACCTTCC1680
AGCCGAACAA CTCTGTATCG TTGCGAAAAA AGAGCATTTT TGGAGTATTG ACCAAACGGA1740
ATTTGGAATC CCACCCAGGC TGATCATTTA GATATGGGAC AATGACAAGT TTTCTCTGGA1800
TGACTACTTG GGTTCCTTAG AACTTGACTT GCGTCACAGC ATCATTCCTG CAAAATCACC1860
AGAGAAATGC AGGTTGGACA TGATTCCGGA CCTCAAAGCC ATGAACCCCC TTAAAGCCAA1920
35 GACAGCCTCC CTCTTTGAGC AGAAGTCCAT GAAAGGATGG TGGCCATGCT ACGCAGAGAA1980
AGATGGCGCC CGCGTAATGG CTGGGAAAGT GGAGATGACA TTGGAAATCC TCAACGAGAA2040
GGAGGCCGAC GAGAGGCCAG CCGGGAAGGG GCGGGACGAA CCCAACATGA ACCCAAAGCT2100
GGACTTACCA AATCGACCAG AAACCTCCTT CCTCTGGTTC ACCAACCCTT GCAAGACCAT2160
40 GAAGTTCATC GTGTGGCGCC GCTTTAAGTG GGTATCATC GGCTTGCTGT TCCTGCTTAT2220
CCTGCTGCTC TTCGTGGCCG TGCTCCTCTA CTCTTTGCCG AACTATTTGT CAATGAAGAT2280
TGTAAGCCCA AATGTGTAAC AAAGGCAAAG GCTTCATTTT AAGAGTCATC CAGCAATGAG2340
AGAATCCTGC CTCTGTAGAC CAACATCCAG TGTGATTTTG TGTCTGAGAC CACACCCAG2400
TAGCAGGTTA CGCCATGTCA CCGAGCCCCA TTGATTTCCA GAGGGTCTTA GTCCTGGA2460
GTCAGGCCAA CAAGCAACGT TTGCATCATG TTATCTCTTA AGTATTAAAA GTTTTATTTT2520
45 CTAAGTTTAA AATCATGTTT TTCAAAATAT TTTTCAAGGT GGCTGGTTCC ATTTAAAAAT2580
CATCTTTTAA TATGTGTCTT CGGTTCTAGA CTTACAGCTT TGGAATTTGC TAAATAGAAT2640
TCAAAATCT CTGCATCCTG AGGTGATATA CTTATATTTT GTAATCAACT GAAAGAGCTG2700
TGCAATTATA AATCAGTTAG AATAGTTAGA ACAATTCTTA TTTATGCCCC CAACCATTCG2760
TATATTTTGT ATGGATGTCA TAAAAGTCTA TTTAACCTCT GTAATGAAAC TAAATAAAAA2820
50 TGTTCACCT TTAACACATA GGGGGGGTGG TCGGGGGGTC GGGAGGGGGG GGGGTGGTGT2880
GGGTGTGG
2889

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 603:

- 55 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
 (A) LÄNGE: 3638 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

60



(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 603

```

5
10
15
20
25
30
35
40
45
50
55
AGAGTTTCAG TTTTGGCAGC AGCGTCCAGT GCCCTGCCAG TAGCTCCTAG AGAGGCAGGG 60
GTTACCAACT GGCACAGCAGG CTGTGTCCCT GAAGTCAGAT CAACGGGAGA GAAGGAAGTG 120
GCTAAACAT TGCACAGGAG AAGTCGGCCT GAGTGGTGCG GCGCTCGGA CCCACCAGCA 180
ATGCTGCTCT TCGTGCTCAC CTGCTGCTG GCGGTCTTCC CAGCCATCTC CACGAAGAGT 240
CCCATATTTG GTCCCGAGGA GGTGAATAGT GTGAAGGTA ACTCAGTGTC CATCACGTGC 300
TACTACCCAC CCACCTCTGT CAACCGGCAC ACCCGGAAGT ACTGGTGCCG GCAGGGAGCT 360
AGAGGTGGCT GCATAACCCT CATCTCCTCG GAGGGCTACG TCTCCAGCAA ATATGCAGGC 420
AGGGCTAACC TCACCAACTT CCCGGAGAAC GGCACATTTG TGGTGAACAT TGCCAGCTG 480
AGCCAGGATG ACTCCGGGCG CTACAAGTGT GGCTGGGCA TCAATAGCCG AGGCCTGTCC 540
TTTGATGTCA GCCTGGAGGT CAGCCAGGGT CCTGGGCTCC TAAATGACAC TAAAGTCTAC 600
ACAGTGGACC TGGGCAGAAC GGTGACCATC AACTGCCCTT TCAAGACTGA GAATGCTCAA 660
AAGAGGAAGT CCTGTACAA GCAGATAGGC CTGTACCCTG TGCTGGTCAT CGACTCCAGT 720
GGTTATGTGA ATCCCAACTA TACAGGAAGA ATACGCCTTG ATATTCAGGG TACTGGCCAA 780
CGACTGTTCA GCGTTGTCT CATCAACTC AGGCTCAGCG ATGCTGGGCA GTATCTCTGC 840
CAGGCTGGGG ATGATTCCAA TAGTAATAAG AAGAATGCTG ACCTCCAAGT GCTAAAGCCC 900
GAGCCCGAGC TGGTTTATGA AGACCTGAGG GGCTCAGTGA CCTTCCACTG TGCCCTGGGC 960
CCTGAGGTGG CAAACGTGGC CAAATTTCTG TGCCGACAGA GCAGTGGGA AAAGTGTGAC1020
GTGGTCGTCA ACACCTGGG GAAGAGGGCC CCAGCCTTTG AGGGCAGGAT CCTGCTCAAC1080
35
CCCCAGGACA AGGATGGCTC ATTCACTGTG GTGATCACAG GCCTGAGGAA GGAGGATGCA1140
GGGCGCTACC TGTGTGGAGC CCATTCGGAT GGTGAGCTGC AGGAAGGCTC GCCTATCCAG1200
GCCTGGCAAC TCTTCGTCAA TGAGGAGTCC ACGATTCCCC GCAGCCCCAC TGTGGTGAAG1260
GGGGTGGCAG GAGGCTCTGT GGCCGTGCTC TGCCCTACA ACCGTAAGGA AAGCAAAAGC1320
ATCAAGTACT GGTGTCTCTG GGAAGGGGCC CAGAATGGCC GCTGCCCCCT GCTGGTGGAC1380
40
AGCGAGGGGT GGGTTAAGGC CCAGTACGAG GGCCGCTCT CCCTGCTGGA GGAGCCAGGC1440
AACGCACCT TCACTGTCAT CCTCAACCAG CTCACCAGCC GGGACGCCGG CTTCTACTGG1500
TGTCTGACCA ACGGCGATAC TCTCTGGAGG ACCACCGTGG AGATCAAGAT TATCGAAGGA1560
GAACCAAACC TCAAGGTACC AGGGAATGTC ACGGCTGTGC TGGGAGAGAC TCTCAAGGTC1620
CCCTGTCACT TTCCATGCAA ATTCTCCTCG TACGAGAAAT ACTGGTGCAA GTGGAATAAC1680
45
ACGGGCTGCC AGGCCCTGCC CAGCCAAGAC GAAGGCCCCA GCAAGGCCTT CGTGAAGTGT1740
GACGAGAACA GCCGGCTTGT CTCCCTGACC CTGAACCTGG TGACCAGGGC TGATGAGGGC1800
TGGTACTGGT GTGGAGTGAA GCAGGGCCAC TTCTATGGAG AGACTGCAGC CGTCTATGTG1860
GCAGTTGAAG AGAGGAAGGC AGCGGGTCC CGCGATGTCA GCCTAGCGAA GGCAGACGCT1920
GCTCCTGATG AGAAGGTGCT AGACTCTGGT TTTCCGGAGA TTGAGAACAA AGCCATTGAG1980
50
GATCCAGGC TTTTTCAGCA GGAAGGGCG GTGGCAGATA CAAGAGATCA AGCCGATGGG2040
AGCAGAGCAT TGTGGATTC CGGCAGCTCT GAGGAACAAG GTGGAAGCTC CAGAGCGCTG2100
GTCTCCACCC TTGTGCCCT GGGCCTGGTG CTGGCAGTGG GAGCCGTGGC TGTGGGGGTG2160
GCCAGAGCCC GGCACAGGAA GAACGTCGAC CGAGTTTCAA TCAGAAGCTA CAGGACAGAC2220
ATTAGCATGT CAGACTTCGA GAACTCCAGG GAATTTGGAG CCAATGACAA CATGGGAGCC2280
55
TCTTCGATCA CTCAGGAGAC ATCCCTCGGA GGAAGAAAG AGTTTGTTC CACCACTGAG2340
AGCACACAG AGACCAAGA ACCCAAGAAG GCAAAAAGGT CATCAAGGA GGAAGCCGAG2400
ATGGCTACA AAGACTTCCT GCTCCAGTCC AGCACCGTGG CCGCCGAGGC CCAGGACGGC2460
CCCCAGGAAG CTTAGACGGT GTCGCCGCT GCTCCCTGCA CCCATGACAA TCACCTTCAG2520
AATCATGTCT ATCCTGGGGC CTTAGCTCC TGGGGACCCC ACTCCCTGCT CTAACACCTG2580

```

```

CCTAGGTTTT TCCTACTGTC CTCAGAGGCG TGCTGGTCCC CTCCTCAGTG ACATCAAAGC2640
CTGGCCTAAT TGTTCTTATT GGGGATGAGG GTGGCATGAG GAGGTCCCAC TTGCAACTTC2700
TTTCTGTTGA GAGAACCTCA GGTACGGAGA AGAATAGAGG TCCTCATGGG TCCCTTGAAG2760
GAAGAGGGAC CAGGGTGGGA GAGCTGATTG CAGAAAGGAG AGACGTGCAG CGCCCCCTCTG2820
5 CACCCCTTATC ATGGGATGTC AACAGAATTT TTTCCCTCCA CTCCATCCCT CCCTCCCGTC2880
CTTCCCTCTCT TCTTCTTTCC TTACCATCAA AAGATGTATT TGAATTCATA CTAGAATTCA2940
GGTGCTTTGC TAGATGCTGT GACAGGTATG CCACCAACAC TGCTCACAGC CTTTCTGAGG3000
ACACCAGTGA AAGAAGCCAC AGCTCTTCTT GGCGTATTTA TACTACTGTA GTCTTAACCT3060
TTCACCAGGG GTGCTCACCT CTGCCCTAT TGAGGAGAGG CATAAAATGT CTCGAGTCT3120
10 AAGGCCTTAG GGGTCATGTA TGATGAGCAT ACACACAGGC ATGAGCCACT GAGCCTGGCC3180
CAGAAGCGTT TTTCTCAAAG GCCCTCAGTG AGATAAATTA GATTTGCCAT CTCCTGTCT3240
GGGCCAGGGA TCTCTCTACA AGAGCCCCTG CCCCTCTGTT GGAGGCACAG TTTTAGAATA3300
AGGAGGAGGA GGGAGAAGAG AAAATGTAAA GGAGGGAGAT CTTTCCCAGG CCGCACCATT3360
TCTGTCACTC ACATGGACCC AAGATAAAAAG AATGGCCAAA CCCTCACAAC CCCTGATGTT3420
15 TGAAGAGTTC CAAGTTGAAG GGAACAAAAG AAGTGTGTTGA TGGTGCCAGA GAGGGGCTGC3480
TCTCCAGAAA GCTAAAATTT AATTCTTTT TTCTCTGAG TTCTGTAATT CAACAGCCT3540
ACAAGCTGGC ACTTGCTAAC AAATCAGAAA TATGACAATT AATGATTAAA GACTGTGATT3600
GCCACCAAAA AAAAAAAAAA AGACGAAAAG AAAAAGGG 3638

```

20 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 604:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 25 (A) LÄNGE: 2775 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

30 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

35 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- 40 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 604

```

ATAGGTTTGG ACCTTTCTTG GTAGAATTAC TGCCCTAATT TTGTTCCACT GATACTAGAA 60
45 ACGGTCTGAT GTTAGAGCTG GAAGGGATCT GTAGTATCAC GCAGTCCGAT TCTCTAATTT 120
TCCACATGAG AAAATGAAGG TCCAGAGGAA GCAGAGACTT AACTCACAAA TCAGAAAAGC 180
GGTTCTTGCA GAACTGAGGC CATAGTGAGG ACTTTCTGCT TTCCACCATA CCACCTTGCC 240
AGTCCACACA AGAGGGAGGA TGTATTTTGG GGGGCATACA CTGAGGATGG AGAAAGATGG 300
CATCAGAACT GCTGGGTGAA GTGGTGGCTT AACTGGACTT TGACAGCTGC CTTTTGAAAA 360
50 CCCCCAAACT AAACACACTG CATGTAATCA AAAGATGCTT ATACTAATAA TGACCTGTGC 420
TGTTCCCACT CAGTTGCTCT CTGTTTTCGA GAAGACATGA GAAGCTGCAA CATGACCTGG 480
AGTGGAAGT GAGAGTCACA TTTTGTGTTT AGCCACCTGC TGGGCAGCAG AGCGACTGCA 540
CCTTCCCAGA AGGCTGAAGT GCTCGTGTGC TGCACTCCAG TGGCATCTCT GCAGTGGTCA 600
GAGTGACCTG GTATAAGGGA GAGGGCATCA CCTTGCCCCG TGTGCTGACT CCTGCCCTTC 660
55 CCCTACAGGA GAGTCCATCC CGATCCGGCT CTTCTTGCCC GGGTATGAGC TCACGCCAC 720
CATGCCGGAC ATCAACAAGA AGTTCTCTGT GCGCTATTAC CTCAACCTGG TGCTGATAGA 780
CGAGGAGGAG CGGCGCTACT TCAAGCAGCA GGAAGTGGTG TTGTGGCGGA AGGGTGACAT 840
CGTACGGAAG AGCATGTCCC ACCAGGCGGC CATCGCCTCA CAGCGCTTTG AGGGCACCAC 900

```

```

CTCCCTGGGT GAGGTGCGGA CCCCCAGCCA GCTGTCTGAC AACAACTGCA GGCAGTAGGC 960
CCCCAGGGCC GAGAAGATGC TGGGCACCCA CCCAGCACCC CCATCTACCA ACACCAGCGG1020
CTGGGGGCGG GGGCGGACCT TGTGAGGCTC AGTTGACCCG TTACTTGCAA CCTGAAAACA1080
AATCATGTTT TTGACTTAAA TTCTTTTCTC TGGAGAACCC AAGGGGCTTG GGGTGGGAAG1140
5 CAGTCTCTCC TTGGGATTCT GCGGCCGATG TGGGATAGAA GAGGTAGCAT CCTGGAAGCC1200
AGCCTCTCTG GGGAAACATGA GCCCCTTCC TCGGGGGGCT GCCTTGCGTC TTAGAGGAGG1260
GAGAGCAGAG AGCACGCATC CTTGGCTCCT GGCTCTCTGA GCTTCCTGAT ACAGGATCTG1320
AGCATGTCCC TGGGATTCTG AGCTGCCAAC AGGGCCCTGG GTAGTCACAT CTTGTACTCC1380
CCTTTGCTGT CCCGAGGTA GTGGCAGGAG TTGGGCCAGC CCCCCTAAG TGGCAGGGGA1440
10 AGACTCACGA TTGGGAAGCT ACCTCTTTGG GAATCTTGGA TGTGGTGATC TCAAGTTCCC1500
ACAGGCCACC TCCTTCTGGC CACTCACTGC TGGGACCCAG GCACCTCCCT TCTCCATCCT1560
CTCTGGATTG TCAGTAATGT CCTGGAACAG AAGCCTGTAG GATGGCCTTG GGCACGAGGA1620
AGCCCTGGGG TCAGTGTCTG GCACGATGG CCGCAGTGTT GAACCCAGGA GGCTGAACCC1680
GGCCCAACCAC GGAAGATGAG TGCATGGCAA CCGCCTGCCT TCACGTCGCT CCACTTGGTA1740
15 ACCCCAAGGT CTGGGCTGTT CTAGGTATTG CTTACGTGC CCCAGCAAGC CCTTAACAAG1800
AGGGCCTGGT TCCCTGAAGA ACCAATCCCA GGAAGGGGCC TTGATCCCTC CGCCTTGCTG1860
AGAGTGAACC CTCGTCTCTC CTCACCTCC ATTTCAATTC TGGGAATTGG GGCTTAGTTT1920
CGAACCTTTG GCAAGGCTGT TCTTACTAAT GCCCAAGCCC CTTTACCCTT CTCCCTATAG1980
GTTACACAGG GGAGACCAGG GCCTCGGCAG AAGACTGCTG CCACACTTCC GAATCATTTCT2040
20 GCTTGCCAAA TAGTTCATCT TCACCAGTTG ACTGACCCAA GTTTAGGACC ATTGGTATCG2100
TGTGTTTAAA AAACACATAT AAAAAAATC TTGTGAATAT TCTTGTATG CTAGAGAGGA2160
AGGTACTTCT CCCTCTACGG CTCTGCGCTG GGGCCTATGG TAGTAAAGTT GTTTACTGTC2220
CTTTTCTGCT TCCCTGGA AATGACAGGC ATTACTCTCC CATTGGCCTC CCTTCCCTTT2280
ATAGAAAGAC CAAGCAGGCC CCACTGGCCA AGAGGTACGG TATTTGGCAG TCTGAGTTCT2340
25 CAGTAATTTG GAAAGTTAAG GAGTTGGTTC CTGTGTCACC TTTCAAGTAG TGTGGGAAG2400
GAAGACTTCT GTTTTCCTGA GATCAGTGCA GTCTCAGGCC TTTGGCAGGG CTCATGGATC2460
AGAGCTGAGA CTGGAGGGAG AGGCATTTCG GGTAGCCTAG GAGGGCGACT GGCGGCAGCA2520
GAACCGAGGA AGGCAAGGTT GTTTCCCCCA CGCTGTGTCC TGTGTTTCAGG TGCGACACAC2580
AATCCTCATG GGAACAGGAT CACCCATGCG CTGCCCTTGA TGATCAAGGT TGGGGCTTAA2640
30 GTGGATAAGG GAGGCAAGTT CTGGGTTCTT TGCCTTTTCA GAGCATGAGG TCAGGCTCTG2700
TATCCCTCCT TTTCTAGCT GATATTCTAA CTAGAAGCAT TTGTCAAGTT CCCTGTGTGG2760
CCCTTCCCCC CAGAG 2775

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 605:

35

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 944 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

40

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

45

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

50

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

55

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 605

GAAAAGGGGG AGGGGAGTG ACAATCTTTG CTTGGGGCCT ATGACTTCTC CAGCCCCAAG 60

```

GGGAGATGCC ACCGGGAAAT CCCCCAATGT CCACTAGGGG GCAGGAGGCC ACCGTTCTTC120
GTACTCCGGA GAACCTGGCT GGAGAGCTCT TTCTTGTTCA CCCTTCCCAC CAGACTAAAA180
GGTCATCGCA GATAACGTGA AGGACTGGAG CAAGGTCGTC CTGGCCTATG AGCCTGTGTG240
GGCCATTGGT ACTGGCAAGA CTGCAACACC CCAACAGGCC CAGGAAGTAC ACGAGAAGCT300
5 CCGAGGATGG CTGAAGTCCA ACGTCTCTGA TGCGGTGGCT CAGAGCACCC GTATCATTTA360
TGGAGGCTCT GTGACTGGGG CAACCTGCAA GGAGCTGGCC AGCCAGCCTG ATGTGGATGG420
CTTCCTTGTT GGTGGTGCTT CCCTCAAGCC CGAATTCTGT GACATCATCA ATGCCAAACA480
ATGAGCCCCA TCCATCTTCC CTACCCCTTCC TGCCAAGCCA GGGACTAAGC AGCCCAGAAG540
CCCAGTAACT GCCCTTTCCC TGCATATGCT TCTGATGGTG TCATCTGCTC CTTCCTGTGG600
10 CCTCATCCAA ACTGTATCTT CCTTTACTGT TTATATCTTC ACCCTGTAAT GGTGGGGACC660
AGGCCAATCC CTTCTCCACT TACTATAATG GTTGGAATA AACGTCACCA AGGTGGCTTC720
TCCTTGGCTG AGAGATGGAA GGCGTGGTGG GATTTGCTCC TGGGTTCCCT AGGCCCTAGT780
GAGGGCAGAA GAGAAACCAT CCTCTCCCTT CTTACACCGT GAGGCCAAGA TCCCCTCAGA840
AGGCAGGAGT GCTGCCCTCT CCCATGGTGC CCGTGCTCT GTGCTGTGTA TGTGAACCAC900
15 CCATGTGAGG GAATAAACCT GGCCTAGGA AAAAAAAAAA AAAA 944

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 606:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
- 20 (A) LÄNGE: 1939 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear
- 25 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 30 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:
- 35 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 606

```

40 CCAGTCAAGA ATCTCCCACT AAGCTTCAAA GTAGTGGATT ACAGCATGGC AACCATGCCA 60
GTAATTTGAA ATTTAGTAGA GAGGCTTTCG CTTAGTAGAG ATGGGTTTTT GCAGGCTGCT 120
CCCGAACTCC TGACCTCACC CCACCCGCGG CAACCCCCC ATCGGGCCCC CAAAGTGCTG 180
GGGTACAGG CTTAAGCCAC CAAGCCCGGC CGACCTTCTT CTATTTTTC ATTCTCCTTT 240
45 CCAAAGCCAT GGCCATGCGC TCCTGTGTAC AGGTGCATAA ACACATCAGT GTGCCATCCC 300
TCACATGCAT GTCGTTCCCC ACCCTCCTT CCCAGGGCTT CTCTTGGCTC CAGCGTTCCT 360
CTGGGACCTT CTGCAGATAC AGCCTGTGCT GGACCCCCAG CCAGGTGAG GGCTCATCTC 420
GCTCTGTCTT CCCCCTGCC TCAGTTTCCC CCAAAGCTG CTTTCACGTC CTTCTAGTAG 480
GGGGCCTCCC ATGGGGGCAA GGATCCCTT TAGGATTCAA TCTTCTCTT TTGGGCAGTT 540
50 TTGGCTTTGA GTCCCCCAGG GATCAGGGTG AGAATGAAGA AGAGCTCAGT GAGCGGAATG 600
ACAGCAGCTG GGTGGGTGGT GTGGGGAGAG GCTGAGGGGA AGGCAGCTCT AAGACTGGGA 660
GTGGAGTTCC TGGAGGTGTG GGGAGGGGGG CGTGTTTTCA ATTTAGAAAA ATCTCAGCCA 720
GCTCGAGCCG AGAGAGAATG CGAAAGAGGA AGTTCGGAAG GAGCGAGGAA TGGGTGGGT 780
GGCAGCGGGG GCCGCTCAGT CGCTGTCGCT CTTGTCCACC AGCACGGCGT CCGACTCCTC 840
55 GGTGATCTCC AGCAGCGCGT GCACGTCGGG GCTGCTCCCG CGCCGCAGGT CGCCGGCCTC 900
CCCCCGCTCC GCGCCGCCCT CGTCGTCGTC GCGCCCCACC TCCACCATCT CGGTGGCCTT 960
GAGCACTTCC ACCTGGCCCT CGCGGATCTT CTTGACGTGG AAGGTGAAGG GTGGCACCTT1020
GTAGACCGCG GTCTTGAGC GCGCGTACAC CACGTGGTCG GGCGTGAAGG ATTTGCGCAA1080

```

CTTGTCCCGC GACGTCTTCA GTTCTCGCG CCGCTCGGCG GGCACCAGGC GCGTGCCAG1140  
 CTTGTTCATG CGCTTCTCCA GGGTGTGCGG CGTCTTCTCC AGGTTTTCTT TGGTCTTGAG1200  
 GCGCGTCTTC TCCAGGTTCT CGCGGGTACG CACCTTGGTC TTCTCCATCT TCTCCTTGGA1260  
 GAAGGCCTTC TTGAAGTCGT CCACGCGCCG CAGGCCCTGC GCTTGATACG CTCTGCGCGG1320  
 5 GACTCCTCAA TAACCTCCTC AACCTCCACC GCCTCGTCCG ACGAAAGCTC CAGCGCCGCT1380  
 GCGTCTCCTT CGGGCCGCTC GCCCTCGCCC AGCTCCTCGC CCTCCTTCTC TGGCAGCGCC1440  
 TCCGACTCTT TCAGCGATTT GCTGATGCTC AGTTTGGCCG GCAGCTTCAC TTCATCCTGG1500  
 TAGATCATGA CTTTAAAGTT GCGGCGCCGC AGCAGCTCGG CCTCGTTGAC CTCCAGCTTC1560  
 TTGATCTGCC CCGCTGGCG CTCCAGGCTG CCGCGCACGG TCTTCACGTT GACGCTGACC1620  
 10 TTGCGCACCT TCTCCAGCAG CTTGCTCACC GTATTGCTCG TGGTGGCGTG CGCCTTGCCCC1680  
 AGCTTGCTCA GCTCGCCCTG GATGCTCTGC ACTGCGCCCT CCATCTCCGC CTGCCGCTCC1740  
 TCCAGCTGTG CTTGAGTCAG CTGGATCTGG TCTACGGCCC CGATGATTTT GTCCAGGAGG1800  
 CTCAGCACCA GCACGCCGTT CACCTGGTCC GACTTGATCA GCTCTTCTGA GCCGGCCCCC1860  
 GACGGCTCCT CCGCTGCCTG AGCCCCAGCG GAGGAAGCTC CGGGGCCTCG GCGATCGGGG1920  
 15 TACCCGGGCA AGCGGCCGC 1939

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 607:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 20 (A) LÄNGE: 1570 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

### (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

### (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

### (iii) ANTI-SENSE: NEIN

### (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

### (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

### (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 607

40 GGCACGAGGA AGTTAAGATC ATACATGCGG ATGTGCTGGT AACCTGCAAG AAGCAATCAT 60  
 GCTGCGGTCC GGTGTGACCT CCAAGGCAT TCACCCTGGG AGTCCCTGGT GCTGCACCCC 120  
 AACCCAGGCA GAGCTCATCG TGGGTGACCA GAGCGGGGCT ATCCACATCT GGGACTTGAA 180  
 AACAGACCAC AACGAGCAGC TGATCCCTGA GCCCGAGGTC TCCATCACGT CCGCCACAT 240  
 45 CGATCCCGAC GCCAGCTACA TGGCAGCTGT CAATAGCACC GGAAACTGCT ATGTCTGGAA 300  
 TCTGACGGGG GGCATTGGTG ACGAGGTGAC CCAGCTCATC CCAAGACTA AGATCCCTGC 360  
 CCACACGCGC CGTACGCCCT GCAGTGTCGC TTCAGCCCCG ACTCCACGCT CCTCGCCACC 420  
 TGCTCGGCCT GATTAAGACG GTGCAAGATC TGGAAGGACG TCCAACCTTC TCCCTGATGA 480  
 CGGAGCTGAA GCATCAAGAG CGGCAACCCC GGGGAAGTCC TCCGCGGCT TGGATGTGGG 540  
 50 GGCCTGCGCT CTCATCGGGG GACTCCAGT ACATCGTCAC TGCTTCCTCG GACAACCTGG 600  
 CCCGGCTCTG GTGTGTGGAG ACTGGAGAGA TCAAGAGAGA GTACGGCGGC CACCAGAAGG 660  
 CTGTTGTCTG CCTGGCCTTC AATGACAGTG TGCTGGGCTA GCCTGTGACC CCTCGGGACN 720  
 TGCCTGGTGC AGGTGGTGGC AGCNTGGAGG GACCCATGCA GCACCCAGGT CAGAGCAGAG 780  
 CCNTNCCCC NGCCNGGCC CTGCGANGCT GGNACCTGAT GGCCCCCTGT GGCCTTGA 840  
 55 CCTGCTGGGC CAGGCTGNCC CTGGGACTCT CAGCCCCAN GTTGCTTATC CANGATGTA 900  
 CAGAGCTCGA CCAAGCCAG GCTGCACACT CCTGGACNTG GGCTAGCCTG CACTGCCNTG 960  
 GGAAAGNTCN GCCGAGGGCC CANAAGCTGC TGAGGGGTNC TGAGGCTGGT GCCCACCCCC1020  
 AAGCTAGTGT GTTCTCTGCC CCTCCCTGCC CGCGTTTCAG GGCTCGGTC CATAGAGAAC1080

ACCACCACCA TGGCCAGGTG GAAGGGTTTA TTAGTCCCTG CCAGCAGCTG TCCTCCCTGG1140  
 TGCAGGTGGC CTGCCAGCC CACTGGATTG GGGACGGGCC AGGCTGGGCC AGGTCGGGGG1200  
 CTCAGTCTGG GAGGTAATAA AAGCAGACCG ACACGCAGAT GTTGCTCGGG AAAAAAAAAA1260  
 AAAAAAAAAA AAAAAAAAAAGC CGCTGTCTCC GGGGCCCTC TGCTCGCCGG GCCCAGTAGA1320  
 5 TGGGGGTCTT CATGCACAGG CGCTGCACCA AAGCCCCCGC CTGGGCGGTA GCCACTTACG1380  
 AGGCTCCCCC GCACTGCCAG CAGCTCCTGG GTGTGGTGGG TGTCTGGCT GGGGACCCAA1440  
 GCCTCTTGGA CCTTGGAGGT ATCCACCAGC AGCCGCAGGT CTCCCGATCA CTGTCTCCA1500  
 TCAGGCGGAG GAAGCAGACC TGGTGCTCCT CAGGGCGGTA ACAGATGCAG CCGCTCTGCC1560  
 CGTCGAACAG 1570

10

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 608:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

15

(A) LÄNGE: 1768 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

25

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

30

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 608

35 GCACAATCCC GGCTCACTGC AACCTCCAAC TCCTGGGTTT AAGCGATTCT CCCGTCTCTA 60  
 CAAAGTATAC AAAAAAATTA GCCAGGCATG GTGGTGCGTG CCTGTAATCC CAGCTACTTG 120  
 GGAGGCTGGG GCACAGGAAT CCTTTGAACT TGGGAGGCAG AGGTTGCAGT GAGCTGAAAT 180  
 CACACTACTG CCCCCCAGCC TGGGCAACAG AGCAAGACTC TGTCTCGAAA AAAAAAAAAG 240  
 AAAACAATGA AGGAAAAGGA GGGTGAGTTA GCTGGAGTAG AATAGAGGTA TAGAATCGTT 300  
 40 CCTAAATAAC CGGCTGCATT GGTTCCTTGG AGACTTGCTA AAAACCCAGA TTCCCAGGCC 360  
 CCACCTCTTG GTGCTCCTAA TTCAGTAGCA TCACAGTAGG GTTCCAGAAG CGGTATTTT 420  
 AACAAAGCTC CAGGTAATTC TGATGTGCAC CTAGATTGG AAATCACTGT GTTAAAAAAT 480  
 ATTGTGAGGT AAGTTGGTCA GTTAGGTTGG GCAGCTTTTA TTTCATTGCT AAGGGATTG 540  
 GACTTGATGG TGAATAAAG CATTAAATGA ACAAATATTT ATGGAGCCTG TACTATGTAC 600  
 45 CAGATGCAGA CTGTGCTAGC GGTTGGGGAT ACAGTGATGA CTTGGTCTGC CTCTAGGTGG 660  
 CAGGGAGCCA TTTTGGGTTT TCGAACAGAA AAGTGACATA ATGAATGCTG AGTTCTTAGG 720  
 AAGATTAATC CAGGAGTAGT CTCCAGGATG TACTGGAAGG AGAGAAGCTG AAACCAGGGA 780  
 GGCTGCTGTG TTTGCACTG GCTGCCAGT GCTACCTCTG CAGAGACAAT CAATGTCTTG 840  
 AAGGTAGCTG GTATGTCTGT GTGCACTGAC ACGAGCCTTC CTACCAAGCC CCAGGGGCTC 900  
 50 CATGCTGGAG AATGCACGTA GGGCTAGGGT GAGCACTAAC TTCACTTCAG GAGAGCAAGG 960  
 AACAGTGTGG CTCTTCCATT TTTCAGTTCT GTAAGCACAT CACCCTTTTC TCCTCCCTT 1020  
 GAGCTGTGTT CTCTGACAGC TGTTTGTGG TAAAGCCAGC AGCCCTAAA GCACGTCCCA 1080  
 GCCTTGCTC CTCTGTGCTT TCCCCACCA CTGCTGCTGC ACGCCTCATT TGCTGGGCCA 1140  
 CTTTAGTGGT GGAACCATTA GAGGCTGAGT GACTTAAAGG AGATTGAGTC TGTCTCGACC 1200  
 55 CCGAGAGAGA GTGGGATGGA TGGATGCATC GTCTCATTTA GAAAGTGTG CCTCTGACTC 1260  
 TAACACACTC TTCTCTCTTT CTTTACCGCC CTCCTGTGT GCGTCCCTGG GGGGGCGTGG 1320  
 GCTAAACCCC TTCCGTCCCC CTTTCTCCTT CTCTCTCACA GTGTAGGCAC CACTTCTCTT 1380  
 ACAATTTAGG CTTTCTCTCT GCCTTGGGCT GAGTGAGGAA GAGGAGTGCT GTTCTGCCT 1440

TCCTAGCCCA GCTGGGTCTG ACCAGAGGCT ACTGTGTACC CATTTACCAT GCGTGATTGT1500  
 TAACTCAGAG TGGGGTGTAG CCAGGTATTG ACTGAATGTA TGTTCTTGCT GACCTGTGTT1560  
 TTTTCTGTA GGGACCAAAG CAGTATCCTT ACAATAATCT GTACCTGGAA CGAGGCGGTG1620  
 ATCCCTCCAA AGAACCAGAG CGGGTGGTTC ACTATGAGAT CTGAGGAGGC TTCGTGGGCT1680  
 5 TTTGGGTCCT CTAAC TAGGA CTCCCTCATT CCTAGAAATT TAACCTTAAT GAAATCCCTA1740  
 ATAAACTCA GTGCTGTGTT AAAAAAAA 1768

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 609:

### 10 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1001 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

15

- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

### 20 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- (iii) ANTI-SENSE: NEIN

### (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

25

### (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

### 30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 609

TAAGGAGACT GAAAGGTGAT TCATTTAGTG AGTAGCGATT ACAGAATTC TAAAACAGTG 60  
 GGGGCGGGGG GGGGCGGGGG GAGGAGGGCT GGAATTGTCC TCCAGCGCAT ACAAGGTTGT 120  
 TGCTGCCAGA GAAATCCAGC AGGAAAGAGC AGCATTCTTT CACCTTTTCC GCCTCTGAAG 180  
 35 CGGAGGAGAA CTTTCATTTCC CAGCAGCCCT TAAGATTCCCT CCGCGCACTG CGTAGCGTCT 240  
 CCGGCATTCT GCTTTCGGGC GCTCTGCCTT CCGGTGCGTC GTTTACGGCC AGTTTGAACC 300  
 AAAGACGCCC AANGGTTGAG GCCGAGNTTC CAGAGCATGG GGTCTCGGTT GTCCCAGCCT 360  
 TTTGAGTCCT ATATCACTGC GCCTCCCGGT ACCGCCGCCG CGCCCGCCAA ACCTGCGNCC 420  
 CCCAGCTACA CCCGGAGCGC CGACCTNCCC CNAGCAGAAC ACCGCCTNGT TGAAGANCC 480  
 40 GCTGGAGCTG TCGNCGTNGC TTTCTGGGTT GGGGCTGATG GGGGNCCGGG CGGGTACGTG 540  
 TACNTGGGTG GCANCGGAAG CCCATGAAGA TNGGGATACC CCCCAGTNC CATGGACCNA 600  
 TTACNGCAGA TGGTCATCGN NGCCTCANGC NATTGCCACC TNGGGGTANT CGTTGTNCAT 660  
 NGGCAGACCC CAAAGGGAAN GGCCTANCCG CGTTGTTTNG AAAGNTACCA CCANGTGAAT 720  
 NCTGTCTTCT GTCTNCTNGT CCCNTTNNCC CCGTGACACA CAGAGCAGGC ATGGAATTTA 780  
 45 ATGGGNTGTT CTGGNACNAG ACACTTGATC ATGGACAGAC ATCACTACTN NGTGGATACT 840  
 NNACAAGACT GAAAAGNAAA ATCGTATGTT GTCATTNCTC TGGCTANTGG AGTGTGTTGTG 900  
 GCCTTCACAG ATTTACACAG AACCAATAAA TCCCTCAGAG AAGTAAAAAA NAAAAAAA 960  
 AAAAAAAA AAAAAAAA AAAAAAAA AAAAAAAA A 1001

## 50 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 610:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2515 Basenpaare
- (B) TYP: Nukl insäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

55

|    |           |           |           |           |           |           |      |
|----|-----------|-----------|-----------|-----------|-----------|-----------|------|
|    | GGTGTGGA  | CTACTGCA  | TAGTAGCA  | TCACTGAG  | CTACAAC   | TGAAAAAG  | 60   |
|    | GTTCTGT   | TCTTCAT   | CCCTTTAA  | ACTGGATT  | TCCGGATA  | AATTCAAG  | 120  |
| 20 | GCCACTG   | AATTTAAT  | GGTCATCC  | CTTGTGG   | GGATGATT  | CAGCAGGC  | 180  |
|    | GCTCTTGG  | TTCTGGTG  | GCAGACTG  | ATTAACATT | GTAAGAAA  | GAGACTGG  | 240  |
|    | AGTGACTC  | ACAGTCCCC | CATGTCCGC | GGAAACAGA | AATCACC   | ATTGTCA   | 300  |
|    | AGTACCGG  | CAAGCAGCT | GAGCCAGAT | TTTATACCT | ACTTTCCAG | GAGTTGG   | 360  |
|    | TCAAGAAC  | CAGTTCTTA | ACCATGAAT | TTCTAAGAT | GTTGAAC   | AGTTTGG   | 420  |
| 25 | CTATAACA  | GCAGAAC   | TTGATAG   | ATCACTGT  | AAATAAAA  | AAATCACT  | 480  |
|    | CAAGAGCT  | CTGTTTA   | ACCAGAAT  | AAGAAACA  | TTATAAC   | TTTGATAG  | 540  |
|    | GACTTTGG  | TATCTAG   | AATGGGCT  | CAGACACA  | CATACTCT  | CTGATAAT  | 600  |
|    | TGATATAC  | TTTAGCC   | AACTTTCT  | TAAAAGTG  | AAATTTAG  | AAACATA   | 660  |
|    | CTTTTGAG  | GAAAGGCT  | TATGCATC  | AGTTAAAC  | GTGCATT   | AGTATCA   | 720  |
| 30 | AATTTGCA  | ATAGAAG   | AAGATAGT  | TTTNCCT   | TTTGTAG   | GCTGTATT  | 780  |
|    | AAATTAAT  | CTCAGAA   | TACAGGAC  | TTAAAGG   | CATGTTG   | GCATGGAG  | 840  |
|    | GAAGGAA   | AGTCACAG  | TTCTACTC  | TTGTAGGT  | TCTTGTC   | CAGCTGTC  | 900  |
|    | ACTGACAAA | AGAAAAG   | ATANCAT   | TTTTTGCT  | GATAAGA   | CTGACATT  | 960  |
|    | AAGATGTC  | ATTTTTTT  | CCACATTT  | AAAAGTT   | CTTCTCAT  | CTGCACAG  | 1020 |
| 35 | CTGTCTGA  | GCCTCAG   | CTGAGTG   | CAGGAACA  | TCGAAAT   | AGCATGG   | 1080 |
|    | TGTCCTTT  | TGGGGAG   | ATAAAGTT  | GTGGGGT   | AAGTTATA  | ACAGCAGT  | 1140 |
|    | TACCCCAT  | TCTCCATT  | TGTCCAGC  | GGTGACATA | TGACAGGT  | AAATATTG  | 1200 |
|    | ATTCAATT  | TAAATATT  | TTAAAGAA  | GTAAAAAA  | AAAAAAG   | GAAAATT   | 1260 |
|    | TGGTTTC   | CATTGTCT  | TATTTCA   | CCAAGCAG  | AACTGCAG  | GTTTGTGA  | 1320 |
| 40 | GATTCTAA  | TGGGGTTC  | GAATAGCC  | TCAACGCT  | TAATTCAG  | CTCTCCCA  | 1380 |
|    | GAACTACT  | ATTTCTCT  | AATTGACAA | CATGAGTG  | CACCTCTT  | GGTGGCTA  | 1440 |
|    | GTTAGAA   | GCTGTTGT  | TGTTTTCT  | ACTTTGCC  | CCAACAG   | CCTGCCAG  | 1500 |
|    | TTTGAAAT  | CTTCTATT  | CTCGCTGC  | CTTTTCTG  | GGGATAAA  | TTTTNAGG  | 1560 |
|    | GGCCAGACC | AGACATCCA | AGGATTCT  | TTACAGTG  | ACAGTATA  | CTGTCTCA  | 1620 |
| 45 | ATCCTATT  | CATGTGCT  | CTTCTTTA  | AAGATTAT  | TAAGAAA   | AGTGATAT  | 1680 |
|    | AAAGTCCA  | GAGGAAT   | CACAGTTG  | TAAGGGGT  | TTTCCACT  | GAACCTG   | 1740 |
|    | GTCAGTCG  | TGTGGGTC  | AGCTACA   | ATCTGTTG  | TTTGATGT  | TGGTGGTT  | 1800 |
|    | CTTACGG   | GGGGATAG  | TGAGACCT  | TTCCCTGT  | AAATGTCT  | TATTCCAG  | 1860 |
|    | ATGTGCAT  | TGTCATCT  | AAGCAAGAA | TATGGGCA  | GCAGCTCT  | GTTTAAANG | 1920 |
| 50 | TTGCCATA  | CTGTTCA   | TGTTTTAA  | CTCAGTAA  | GATAACCT  | NTCTTTCT  | 1980 |
|    | GATCCAG   | TCGATTCA  | TTATAGTAT | ATTCAATG  | TGATTTTCT | TTTAAGCT  | 2040 |
|    | GGCAATAA  | TGATGTTT  | AGATGGTA  | ATGGGANG  | GGCATATA  | ATAAAGAT  | 2100 |
|    | AGCAAATT  | ACCCTAAAA | TGNTTCTA  | AGTTCAC   | AAGAAGAT  | GGTTTAAT  | 2160 |
|    | CTTTCAAG  | AATTCTAG  | TGACATTTT | GAGGGGAA  | TGGGCTCT  | TTCTAGTT  | 2220 |
| 55 | AGTGAGCA  | GAANGGCT  | NAAATTA   | TGTAANCT  | CAGCATT   | GAGGTTAA  | 2280 |
|    | ATAACTGA  | CAGATGT   | TCTTCAG   | GATTCTTC  | ATCAAAC   | TACTTTTG  | 2340 |
|    | ATAGTTAA  | TCAGAAAA  | GTGCTGT   | TGTGTGTG  | TGAGGGTG  | TCTTGCTG  | 2400 |
|    | CCTTCAGT  | GCTCTAA   | CTGGCAAC  | CTGTGAAT  | CCAGTGAT  | GATACCAT  | 2460 |
|    | ACCAATCA  | TGGAATGC  | TTGGTGAT  | GGGGAGCC  | CCCCGTCT  | CCAGG     | 2515 |



## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 611:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 5 (A) LÄNGE: 818 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 10 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

## (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- 15 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

- 20 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 611

25 TTTT TTTT TTTT ATTTAAAGCC TGGATTGTAA CCAGATTTTC TTTT TTTT TTTT CTTCTCAGCT 60  
 GTAGATATGA TATCTCCTTT CAGGGCCCCA GCTTAAGGGC AAAGTGAGTT AATGTGTAGA120  
 CAAAGGCGAG GGACAAGAGA GAGTTAACAT CTAGACAGTG GAAAAAGCCA TGGTGTGTGG180  
 TTTCTGGGAA CCACCAACAC TTGCAGGTTT AGCTTTTTC CAGGGTTGAC TACAAGAAAG240  
 30 AAAACCATGT TTTTGCAAGA TTTAAATGTG GTTGAGTGTG CCTAAATTAA CCATCCCCAT300  
 TTTTATCATA TTTCCACCAT CACTTCAGGG TTTTAAGAGT CAGTGCTCAC CTGGGCGGAG360  
 CTGGTAGTAC ATTTTGCTTC TTAGAAAGCT AAGTCCTGGG TTCCGTCTGA TTTTAGGTTC420  
 CAGGAACTTC CTGAGAACAC CCGATCGCAG AGGGTAATTT TCTGGAGTTT GTTTTGCAGG480  
 GATAGCTGGG AGTATGGCCA CCTGCTCCA CGATGCGGTA ATGAATCCAG CAGAAGTGGT540  
 35 GAAGCAGCGC TTGCAGATGT ACAACTCGCA GCACCGGTCA GCAATCAGCT GCATCCGGAC600  
 GGTGTGGAGG ACCGAGGGGT TGGGGGCCTT CTACCGGAGC TACACCACGC CAGCTGACCA660  
 TGAACATCCC CTTCCAGTCC ATCCACTTCA TCACCTATGA GTTCCTGCAG GAGCAGGTCA720  
 ACCCCACCG GACCTACAAC CCGCAGTCCC ACATCATCTC AGGCGGGCTG GCCGGGGCCC780  
 40 TTGCCGCGGC GCGAGGGGC CCCCTGGACG TTTTAAGA 818

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 612:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 45 (A) LÄNGE: 1024 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 50 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

## (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

## (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

5

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 612

10

```

GCGGTCGGTA GTGCGGCGCT GTTTAAAGAT GGCGGCGGAG GAACCTCAGC AGCAGAAGCA 60
GGAGCCGCTG GGCAGCGACT CCGAAGTGTT AACTGTCTGG CCTATGATGA AGCCATCATG 120
GCTCAGCAGG ACCGAATTCA GCAAGAGATT GCTGTGCAGA ACCCTCTGGT GTCAGAGCGG 180
CTGGAGCTCT CGGTCTTATA CAAGGAGTAT GCTGAAGATG ACAACATCTA TCAACAGAAG 240
15 ATCAAGGACC TCCACAAAAA GTACTCGTAC ATCCGCAAGA CCAGGCCTGA CGGCAACTGT 300
TTCTATCGGG CTTTCGGATT CTCCCACTTG GAGGCACTGC TGGATGACAG CAAGGAGTTG 360
CAGCGGTTCA AGGCTGTGTC TGCCAAGAGC AAGGAAGACC TGGTGTCCTA GGGCTTCACT 420
GAATTCACAA TTGAGGATTT CCACAACACG TTCATGGACC TGATTGAGCA GGTGGAGAAG 480
CAGACCTCTG TCGCCGACCT GCTGGCCTCC TTCAATGACC AGAGCACCTC CGACTACCTT 540
20 GTGGTCTACC TGCGGCTGCT CACCTCGGGC TACCTGCAGC GCGAGAGCAA GTTCTTCGAG 600
CACTTCATCG AGGGTGGACG GACTGTCAAG GAGTTCTGCC AGCAGGAGGT GGAGCCCATG 660
TGCAAGGAGA GCGACCACAT CCACATCATT GCGCTGGCCC AGGCCCTCAG CGTGTCCATC 720
CAGGTGGAGT ACATGGACCG CGGCGAGGGC GGCACCACCA ATCCGCACAT CTTCCCTGAG 780
GGCTCCGAGC CCAAGGTCTA CCTTCTCTAC CGGCCTGGAC ACTACGATAT CCTCTACAAA 840
25 TAGGGCTGGC TCCAGCCCGC TGCTGCCCTG CTGCCCCCCT CTGCCAGGCG CTAGACATGT 900
ACAGAGGTTT TTCTGTGGTT GTAAATGGTC CTATTTTACC CCCTTCTTCC TGTACATGA 960
CCCCCCCCCA TGTTTATTA AAGGGGGTGC TGGTGGTGAA AAAAAAAAAA AAAAAAAAAA 1020
AAAA 1024

```

30 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 613:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
 (A) LÄNGE: 1322 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 35 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

40

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

45 (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
 50 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 613

```

GCTGACCACG ACATGTGTCT CCTCCTCTGC ACCTTCCAAG ACCTCCTTAA TAATGAACCC 60
55 ACATGCCTCT ACCAATGGAC AGCTCTCAGT CCACACTCCC AAAAGGGAAA GTTTGTCCCA 120
TGAGGAGCAC CCCCATAGCC ATCCTCTCTA TGGACATGGT GTATGCAAGT GGCCAGGCTG 180

```

```

TGAAGCAGTG TGCGAAGATT TCCAATCATT TCTAAAACAT CTCAACAGTG AGCATGCGCT 240
GGACGATAGA AGTACAGCCC AATGTAGAGT ACAAATGCAG GTTGTACAGC AGTTAGAGCT 300
ACAGCTTGCA AAAGACAAAG AGCGCCTGCA AGCCATGATG ACCCACCTGC ATGTGAAGTC 360
TACAGAACCC AAAGCCGCCC CTCAGCCCTT GAATCTGGTA TCAAGTGTCA CTCTCTCCAA 420
5 GTCCGCATCG GAGGCTTCTC CACAGAGCTT ACCTCATACT CCAACGACCC CAACCGCCCC 480
CCTGACTCCC GTACCCCAAG GCCCTCTGT CATCACAACC ACCAGCATGC ACACGGTGGG 540
ACCCATCCGC AGGCGGTACT CAGACAAATA CAACGTGCCC ATTTCGTCAG CAGATATTGC 600
GCAGAACCAA GAATTTTATA AGAACGCAGA AGTTAGACCA CCATTACAT ATGCATCTTT 660
AATTAGGCAG GCCATTCTCG AATCTCCAGA AAAGCAGCTA AACTAAATG AGATCTATAA 720
10 CTGGTTTACA CGAATGTTTG CTTACTTCCG ACGCAACGCG GCCACGTGGA AGAATGCAGT 780
GCGTCATAAT CTTAGTCTTC ACAAGTGTTT TGTGCGAGTA GAAAACGTTA AAGGGGCAGT 840
ATGGACAGTG GATGAAGTAG AATTCCAAAA ACGAAGGCCA CAAAAGATCA GTGGTAACCC 900
TTCCCTTATT AAAAACATGC AGAGCAGCCA CGCCTACTGC ACACCTCTCA ATGCAGCTTT 960
ACAGGCTTCA ATGGCTGAGA ATAGTATACC TCTATACACT ACCGCTTCCA TGGGAAATCC1020
15 CACTCTGGGC AACTTAGCCA GCGCAATACG GGAAGAGCTG AACGGGGCAA TGGAGCATA1080
CAACAGCAAC GAGAGTGACA GCAGTCCAGG CAGATCTCCT ATGCAAGCCG TGCATCCTGT1140
ACACGTCAAA GAAGAGCCCC TCGATCCAGA GGAAGCTGAA GGGCCCTGT CTTAGTGAC1200
AACAGCCAAC CACAGTCCAG ATTTTGACCA TGACAGAGAT TACGAAGATG AACCAGTAA1260
CGAGGACATG GAGTGACTAT CGGGGCGGGC CAACCCCGAG AATGAAGATT GGAAAAAGGA1320
20 AA 1322

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 614:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
- 25 (A) LÄNGE: 4458 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear
- 30 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 35 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:
- 40 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 614
- 45
- ```

GCCCCGCGTT AACAAAGGGA GCGGATACCG ACCGGCGTGG GCGCGGAGCG GGCGGCCGCC 60
ACCGAGCGTG CTGAGCAACC GCAGCCTCCG CGGCCGAGAG TGCAGCGAGC AAGGGGACAA 120
AAAGTTCCGC AAAGCCCGCA CAACAGCAC CACAGAGAGA AGGGAAGAAC GGCATCCAGC 180
CCACCAAGAA TGGACCGACA CACCTCAGCA TCTCCAAACC CCGCAGCACA CGTGACCATA 240
50 AACCAGCAAA GATGAGTTT GATCATCTG AGAAAAATGG GCCTTGGCCT GCAGACCCAA 300
TAAACCTTCC CTCCCATGGA TAATAGTGCT AATTCCTGAG GACCTGAAGG GCCTGCCGCC 360
CCTGGGGGAT TAGCCAGAAG CAGGCTTGT TCTCTGCTCA GAACAAAGTG ACTTCCCTGA 420
ACACATCTTC ATTATGATTC ACACCAACCT GAAGAAAAAG TTCAGCTGCT GCGTCCTGGT 480
CTTCTTCTG TTTGCAGTCA TCTGTGTGTG GAAGGAAAAG AAGAAAGGGA GTTACTATGA 540
55 TTCCTTTAAA TTGCAAAACCA AGGAATTCCA GGTGTTAAAG AGTCTGGGGA AATTGGCCAT 600
GGGGTCTGAT TCCCAGTCTG TATCCTCAAG CAGACCCAG GACCCCAACA GGGGCCGCCA 660
GACCCTCGGC AGTCTCAGAG GCCTAGCCAA GGCCAAACCA GAGGCCTCCT TCCAGGTGTG 720
GAACAAGGAC AGCTCTTCCA AAAACCTTAT CCCTAGGCTG CAAAAGATCT GGAAGAATTA 780

```

CCTAAGCATG AACAAAGTACA AAGTGTCTTA CAAGGGGCCA GGACCAGGCA TCAAGTTCAG 840
 TGCAGAGGCC CTGCGCTGCC ACCTCCGGGA CCATGTGAAT GTATCCATGG TAGAGGTCAC 900
 AGATTTTCCC TTCAATACCT CTGAATGGGA GGGTTATCTG CCCAAGGAGA GCATTAGGAC 960
 CAAGGCTGGG CCTTGGGGCA GGTGTGCTGT TGTGTCGTCA GCGGGATCTC TGAAGTCCTC1020
 5 CCAACTAGGC AGAGAAATCG ATGATCATGA CGCAGTCCCTG AGGTTTAATG GGGCACCAC1080
 AGCCAACCTT CAACAAGATG TGGGCACAAA AACTACCATT CGCCTGATGA ACTCTCAGTT1140
 GGTTACCACA GAGAAGCGCT TCCTCAAAGA CAGTTTGTAC AATGAAGGAA TCCTAATTGT1200
 ATGGGACCCA TCTGTATACC ACTCAGATAT CCCAAAGTGG TACCAGAATC CGGATTATAA1260
 TTTCTTTAAC AACTACAAGA CTTATCGTAA GCTGCACCCC AATCAGCCCT TTTACATCCT1320
 10 CAAGCCCCAG ATGCCCTGGG AGCTATGGGA CATTCTTCAA GAAATCTCCC CAGAAGAGAT1380
 TCAGCCAAAC CCCCCATCCT CTGGGATGCT TGGTATCATC ATCATGATGA CGCTGTGTGA1440
 CCAGGTGGAT ATTTATGAGT CCCTCCCATC CAAGCGCAAG ACTGACGTGT GCTACTACTA1500
 CCAGAAGTTT TTGATAGTG CCTGCACGAT GGGTGCCTAC CACCCGCTGC TCTATGAGAA1560
 GAATTTGGTG AAGCATCTCA ACCAGGGCAC AGATGAGGAC ATCTACCTGC TTGGAAAAGC1620
 15 CACACTGCCT GGCTTCCGGA CCATTCACTG CTAAGCACAG GCTCCTCACT CTTCTCCATC1680
 AGGCATTAAA TGAATGGTCT CTTGGCCACC CCAGCCTGGG AAGAACATT TCTTGAACAA1740
 TTCAGCCTG CTCCTTTTAC TCTAGGGGCC TCTGTCAGCA AGACCATGGG GACTTCAAGA1800
 GCCTGTGGTC AGGAAATCAG GTCCAGCCTT CCCTGTAGCC AGACAGTTA TGAGCCCCAGA1860
 GCCTCCTGCC ACACACATGC ACACATATCT AGCATTCTTT CCAGACAGCA TCCTCCCCGC1920
 20 CTTCCACCTT GGTAGATGCA AGGTCTATCT CTCCCATCAG GGCTGCCAAA GCTGGGCTTT1980
 GTTTTCCCA GCAGAATGAT GCCATTCTCA CAAACCAATG CTCTATATTG CTTNGAAGTC2040
 TGCATCTAAA TATTGATTTT ACGNTTTTAA AGNAAATTCT NNCTTAAAT ACAATTGTGC2100
 CCAATGCAGG GTGNGCTCTN NGGGGGGCAA GTAGGTGGTA CAGGGGATTG GAAACATCCT2160
 CCGCGCCTCC AGAGAAAAGT TGCTCCCGAG GTCCATGCCC CTGGAACGTG TTCCTATCAC2220
 25 TCTGGCTGGT TGGGCTGGTC CTTAGACTGG GTGCTTATGA TTTAAAGGGT CTTGGTTAAG2280
 CCCACTTTCC CTCTCCATGT GGAGATGGAA GGTAGAGAAG GATACAGTGT CTATCCTCAA2340
 GTTGCTACGG TTCAGTGAGA GAGGCAGACA TCTGAACAGG NCAGGTAGGA TTCAGTGTGC2400
 TCAGTGCAT GGGGATTTGG AGAGAGATGG GCTTGCTCTC TCTGTGCACC CAGGAGGGCC2460
 ACGCACTTAA AACTGTGTTT GTGGATCAGA GAAGGCTTTA TAGCACAGGG GGCATTCAGA2520
 30 TGAGTCTTAG AGGAAGAGAA GAAACATGGC AAGCAGATTA CATCTGAGCC GTTTGAATTG2580
 TGTTTTCTT TCTTCCCATG TTTATTTTCT AAGATCTACC TGAACCTAGN AGACTCAAGA2640
 TATTTTTTTA GGAACCTCC TACCCATGTC TGAGGTAGCA AGTGCAGCCT CACGACAGT2700
 ACCAGGCAAT CCAGAGCCAC AAAACGTGAT TCCTCCAGGC TCTGCCTGGC CTGACCCTGT2760
 CCTGTCACT GGGTTTACAT ACCAGTCCCA TTCTTCCTTT TCAATACCTA CCCCCAAATC2820
 35 TTCTCCTAAC CACCATCTGT TTTTTTTTAG TTAAAGCATT TTTTGCTTTA AAAGCATCCT2880
 GACCCCAATT TCTTTGAGCT CACGGGCCCT TTGCTGAAGG TCTCTCAGGG TGAGTGGTG2940
 TGGCTCTCTG GACTTAACGT CACTCTCAGN AGGTCAGAAC CTTNGGAGAT CAGAACTGAT3000
 TCTCACCAGG TGTGAGAGGT GTGGNTANGC AGATTGCAAT GCTCTGCACC TCTTNCCTTG3060
 CAAGTGAGNC AACTTNCAGG NCTCTCTGGG NCAGAGGCTG GCCCACTGTA GTTTGCAGAC3120
 40 ATGCTCTCCA GATGNTTTT ACTAAGTCCC CTCTCCCTGN ATANGGGAAT CCTGNCTGNN3180
 ACCAGCGCAN GCCCTNNGGT GTNNGANNGA GGTNAAAAG ACTTGNCACA GGNATCACC3240
 AGTNCATGCT GNTAGANGCC AGGATTCCTA GACCCAGGGC TCTGCACCTC CAAGGCTGGC3300
 CCCATGTGCT CAAGGGGGTC TAATGTTTGG GCTCCAACT AACCATCTCG GAGCTGGGCT3360
 CCTCATTTAC TGCCAAACCC TCAGNCTTAT GTAGCNTAGA AAGGGCCCTG GANGTGNAGA3420
 45 AAGCCTGGAT TTTCAAATTG ATGCTCCCTT ACTNGACTAG NCTGTGCCAC TCNTGGGCAA3480
 ATGCTCTTCC TTGAGCCTGT TTCCACACCT GTAAAGTGGG GATGATGATC CTATCTCACT3540
 GCTTTTNGTG NAGGATTACA GGNAAAGCA CCTGTCTGG CTCTGTACCT GGCACGTAGT3600
 ANGGTGCTCA GTTCATGCTG GTTTCCTTCC TGCCTTTAGT AGGGACCTGC TCTGTGCTCA3660
 CACCTCGGCT GCATGCACCC TGCTGTGACG GAGGCTAGTG TGGAAGAGGT CCTGTCTCA3720
 50 GGGAAATTAAC TGTCTTATTG GGAGACAACA ACTGTCTCTC TTGGAACACC CAAGAAACCA3780
 TGNCAAAGCA GTGGACAACA CAGAACACGN CCCTCCTCCT CGCTGCCTGC AGCTNCCAAT3840
 CTGATTCTGC TTGGGAATGG GCGGANACG NTGGGCTGCT TAACTGCTGT ATAGGACAAG3900
 CCCCTTACCC CTCTCTGGGC CCATGAATTC CTGGCTTGGT TTATGTTCTG ATTTGACACA3960
 CTGATTTTAA TCTTCGAATC ATGACACTGA GTGCAGAGGA GGTGGCATTG CGACAGCAGG4020
 55 ACATACATGT TNGGTGTGAA GACTGGGACG AACTGGGTA GAATCTAGTT TTTAATTATT4080
 ATTAATATAA AGGATCAAAT TAATTTAAAT ATGAATCTGA AGTCCACAGA ACTTTNNNNN4140
 AAGTGCTGTC CAGGCCAACA CTTTGGTAAA ATGCAAATTA TGATATGGAC GTTATCATTG4200
 GTCTGGTGAG ATGTTTCATA TTTGTGACAG TTAATTTAAA AATTATGACT TAATGCTGCC4260
 TGTGTCTATG GGGTCTGTCT TTCTTTGATA GCCATCTATT CATCTGGATC ATGGGACCCCT4320
 60 CTCTAATCCT TCCACCAATC AAATAAGCTA TTGCTATTGG TTTGGAGTTG AGATATCAGT4380
 CTCGGAAACT TCTGAAAAAT GCTAATAATT ACCCAAGGAT TATGTCAAAT TTTAAAATAA4440
 ATGTGTGTGT GTTTCCTT

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 615:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 5 (A) LÄNGE: 1562 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

- 10 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

- 15 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

- 20 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 615

```

25 TGGAGGCAGC TAGCGCGAGG GTGGGGAGCG CTGAGCCGCG CGTCGTGCCC TGCCTGCCCC 60
   AGACTAGCGA ACAATACAGT CAGGATGGCT AAAGGTGACC CCAAGAAACC AAAGGGCAAG 120
   ATGTCCGCTT ATGCTTCTT TGTGCAGACA TGCAGAGAAG AACATAAGAA GAAAAACCCA 180
   GAGGTCCCTG TCAATTTTGC GGAATTTTCC AAGAAGTGCT CTGAGAGGTG GAAGACGATG 240
   TCCGGGAAAG AGAAATCTAA ATTTGATGAA ATGGCAAAGG CAGATAAAGT GCGCTATGAT 300
30 CGGGAAATGA AGGATTATGG ACCAGCTAAG GGAGGCAAGA AGAAGAAGGA TCCTAATGCT 360
   CCCAAAAGGC CACCGTCTGG ATTCTTCCTG TTCTGTTCAG AATTCGCCCC CAAGATCAAA 420
   TCCACAAACC CCGGCATCTC TATTGGAGAC GTGGCAAAA AGCTGGGTGA GATGTGGAAT 480
   AACTTAAATG ACAGTGAAAA GCAGCCTTAC ATCTAAGA CCGCAAAGCT GAAGGAGAAG 540
   TACGAGAAGG ATGTTGCTGA CTATAAGTCG AAAGGAAAGT TTGATGGTGC AAAGGGTCCT 600
35 GCTAAAGTTG CCCGAAAAA GGTGGAAGAG GAAGATGAAG AAGACGGGGG GGGGGGGGGG 660
   GGGGGGGGGG GGGGGACGTA TAGTCGGGTC GGCTGGTGGA GTAGCCCAA AGAAGGGGAG 720
   CGCCGTAATT GACACATCTC TTATTTGAGA AGTGTCTGTT GCCCTCATTA GGTTTAATTA 780
   CAAAATTTGA TCACGATCAT ATTGTAGTCT CTCAAAGTGC TCTAGAAATT GTCAGTGGTT 840
   TACATGAAGT GGCCATGGGT GTCTGGAGCA CCCTGAAACT GTATCAAAGT TGTACATATT 900
40 TCCAAACATT TTTAAATGA AAAGGCACTC TCGTGTCTC CTCACTCTGT GCACTTTGCT 960
   GTTGGTGTGA CAAGGCATTT AAAGATGTTT CTGGCATTTT CTTTTTATTT GTAAGGTGGT1020
   GGTAACTATG GTTATTGGCT AGAAATCCTG AGTTTTCAAC TGTATATATC TATAGTTTGT1080
   AAAAGAACA AAACAACCGA GACAAACCCT TGATGCTCCT TGCTCGGCGT TGAGGCTGTG1140
   GGGAAAGATG CTTTTGGGAG AGGCTGTAGC TCAGGGCGTG CACTGTGAGG CTGGACCTGT1200
45 TGA CTCTGCA GGGGGCATCC ATTTAGCTTC AGTTTGTCTT GTTCTGTAT ATAGTGACAT1260
   AGCATCTGCT TGCCATCTTA GCTGTGGACA AAGGGGGGTC AGCTGGCATG AGAATATTTT1320
   TTTTTTTAAG TGCGGTAGTT TTTAACTGT TTGTTTTTAA ACAAACTATA GAACCTTCA1380
   TTGTACGCAA ACAAAGAGT CACTGCATCA ATGAAAGTTC AAGAACCTCC TGTACTTAA1440
   CACGATTCGC AACGTTCTGT TATTTTTTTT GTATGTTTAG AATGCTGAAA TGTTTTTGAA1500
50 GTTAAATAAA CAGTATTACA TTTTAAAAA AAAAAAAAAA AAAAAAAAAA AAAAAAAAAA1562
   AA

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 616:

- 55 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 2278 Basenpaare

- (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

10 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

15 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 616

20 GGCAATTTCC GTTAGGTGCT GAAGGCTGTG GCGCGCGGCT GTCCCCATTC CCACGTGAAG 60
 CGCTACGCTA GCATCGCTCG GCTGGCGGCT CCCAGCTCGC CGCGGAGCAG TCCCGGCAGC 120
 AGCGGGGGAC CGGAAGTGGC TCGCGGAGGC TCAGAAGCTA GTCCCGGAGC CCGGCGTGTG 180
 GCGCCTCGGA GCACGGTGAC GGCGCCATGT CCCTAATCTG CTCCATCTCT AACGAAATGC 240
 25 CGGAGCACCC ATGTGTATCC CCTGTCTCTA ATCATGTTTA TGAGCGGCGG CTCATCGAGA 300
 AGTACATTGC GGAGAATGGT ACCGACCCCA TCAACAACCA GCCTCTCTCC GAGGAGCAGC 360
 TCATCGACAT CAAAGTTGCT CACCCAATCC GGCCCAAGCC TCCCTCAGCC ACCAGCATCC 420
 CGGCCATTCT GAAAGCTTTG CAGGATGAGT GGGATGCAGT CATGCTGCAC AGCTTCACTC 480
 TCGGCCAGAG CTGCAGACAA CCCGCCAAGA GCTGTACAC GCTCTGTACC AGCACGATGC 540
 30 CGCCTGCCGT GTCATTGCCG GTCTCACCAA GGAAGTCACT GCTGCCCGAG AAGCTCTGGC 600
 TACCTGAAA CCACAGGCTG GCCTCATTGT GCCCCAGGCT GTGCCAAGTT CCAACCAAG 660
 TGTGTGGGT GCGGGTGAGC CAATGGATT TGGGTAGCTG GTGGGAATGA CCCCAGAGAT 720
 TATTGAGAAG CTCAAGACA AAGCCACTGT GCTAACCACG GAGCGCAAGA AGAGAGGGAA 780
 GACTGTGCCT GAGGAGCTGG TGAAGCCAGA AGAGCTCAGC AAATACCGGC AGGTGGCATC 840
 35 CCACGTGGGG TTGCACAGTG CCAGCATTC TGGGATCCTG GCCCTGGACC TCTGCCCGTC 900
 CGACACCAAC AAGATCCTCA CTGGTGGGGC GGATAAAAAAT GTCGTTGTGT TTGACAAAAG 960
 TTCTGAACAA ATCTGGCTA CCCTCAAAGG CCATACCAAG AAGGTCACCA GCGTGGTGT1020
 TCACCTTCC CAGGACCTGG TGTCTCTGCT TCCCCCGAT GCCACTATCA GGATTTGGTC1080
 GGTCCCCAAT GCCTCTTGTG TACAGGTGGT TCGGGCCCAT GAGAGTGCTG TGACAGGCT1140
 40 CAGCCTTCAT GCCACTGGCG ACTATCTCCT GAGCTCCTCC GATGATCAGT ACTGGGCTTT1200
 CTCTGACATC CAGACAGGGC GTGTGCTCAC CAAGGTGACA GATGAGACCT CCGGCTGCTC1260
 TCTACCTGT GCACAGTTCC ACCCTGACGG ACTCATCTTT GGAACAGGAA CCATGGACTC1320
 TCAGATCAAG ATCTGGGACT TGAAGGAACG TACTAATGTG GCCAACTTCC CTGGCCACTC1380
 GGGCCCCATC ACTAGCATCG CTTCTCTGA GAATGGTTAC TACCTGGCTA CAGCGGCTGA1440
 45 TGA CTCTCT GTCAAGCTCT GGGATCTGCG CAAGTTAAGA ACTTTAAGAC TTTGCAGCTG1500
 GATAACAAC TTAGGTAAA GTCACTGATC TTTGACCAGA GTGGTACCTA CCTGGCTCTT1560
 GGGGGCACGG ATGTCCAGAT CTACATCTGC AAACAATGGA CGGAGATTCT TCACTTTACA1620
 GAGCATAGCG GCCTGACCAC AGGGGTGGCC TTCGGGCATC ACGCCAAGTT CATCGCTTCA1680
 ACAGGCATGG ACAGAAGCCT CAAGTTCTAC AGCCTGTAGG CCCTGGCCCT TCTGATGGAA1740
 50 GCTGGGCCTC ATCTCAGTAG AGGGGTAGAA TTAGGGTTG GGGGGGGGTG GGGGGAATCT1800
 ATGGGGGGAG GGGGCTCTGT GGGGTGGGAC ATTACATCA TTTCACTCTG GTCTGAGTGG1860
 TGGCTGAGA ACCATGGTGG CATGGACCAC CCTCATCCAT GCAACTCCAG GCCCCATGGG1920
 AACGGATGTG GAAGGAAGAA CTGTACCCCT CTTAAGGCC AGGGTCGGAG CCCAGGGCCT1980
 CTCCCTTCT GTCTTCAAT GGACGTGGTG GTGGCTGTT CACACCCATT TTGTTGCACT2040
 55 TCCTGTGAGA CAGGAGAGGC TGAGCCAAGG GAAGTGTGAA GGGGATGGGC AGGAGGCTT2100
 GTGCAAGGTT TTGTAAGCAG TGATCTAGTT TCATTAAGAA AAGAAAACAA TAACCAAC2160
 CACCTCCCCG TGTCTGTCTG CACCAGGAGC ACCTGGGACT GGAAGTCAA GGGGAGGGAG2220
 CACACACTGG GACACTGGCT TCCGGGAAGC CCATCTTCCT TTCCTTTCAC AGCTCTTA 2278

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 617:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 5 (A) LÄNGE: 931 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 10 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- 15 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

- 20 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 617

25 CAGGGGCGTG CAGCCCGCTT GCCAATCAGA GCGCGGCTGA GCGGCCCCGC AGCCAACCCC 60
 CGAGGAGCGG CCGGCTGGCG TCCGCCGCGC CCAGGAGTTG GGGATGTCCT ACAAACCCAT120
 CGCCCCCTGCT CCCAGCAGCA CCCCTGGCTC CAGCACCCCT GGGCCGGGCA CCCCAGTCCC180
 TACAGGAAGC GTCCCGTCGC CGTCGGGCTC AGTGCCAGGA GCCGCGCTC CTTTCAGACC240
 30 GCTGTTTAAAC GACTTTGGAC CGCCTTCCAT GGGCTACGTG CAGGCGATGA AGCCACCCGG300
 CGCCCAGGGC TCCAGAGCA CCTACACGGA CCTGCTGTCA GTCATAGAGG AGATGGGCAA360
 AGAGATCCGG CCTACCTATG CTGGCAGCAA GAGCGCCATG GAGCGCCTGA AGAGAGGTAT420
 CATCCATGCC CGGGCCCTAG TCAGAGAGTG CCTGGCAGAG ACAGAGCCGA ACGCCGCAC480
 GTAACAGGAA GCGCCTCGGC CTCAGCGTCT GGACCTATCC GGCCACTGCA GAGCACCCGC540
 35 TTCTCCCTGG CCTTCATCCC GAGTTGCACT AACCATCCTG GGCTTCCTGT CCTGTGTCCC600
 TTGGTGGGTC CCCTCCAGGA ACCAAGGAGT GGCCCTCCAG GTGGCAGCAC TAAGGACACC660
 CCCCCACAAC AAGAGTTAGC AGCGAGGTCC CCATGAGTCC CACCCATGAC CTGCCGACAG720
 TGTGCCCCAC CGGAACCTTT GTGGCCCTTA CCGCTCAGCC CTTCCAGCA CTTCTCCAC780
 TTTGTCCCGA GCCTCCTTCT CGCCCAGCAG GGGCACAGGC CTGGCACCTC CCTGCCTTGT840
 40 GTCCTGAGCC ATAGTGACTC TTTTATCTGT GTGTCTTTTG CTAAATATGC CCTTTTATA900
 TTAATAAAAG ATGATTGGA GTTGTGCTCT C 931

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 618

- 45 (A) LÄNGE: 447 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 50 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 618:

ELPSSPPPGGL PEVAPDATST GLPDTPAAPE TSTNYPVECT EGSAGPQSLP LPILEPVKNP 60
 CSVKDQTPQLQ LSVEDTTSPN TKPCPPTPTT PETWGGGGGG APSSTPCSAH LTPSSLFPSS120
 LESSSEQKFY NFVILHARAD EHIALRVREK LEALGVDPGA TFCEDFQVPG RGELSCLQDA180
 10 IDHSAFIILL LTSNFDCLRS LHQVNQAMMS NLTRQGSPDC VIPFLPLESS PAQLSSDTAS240
 LLSGLVRLDE HSQIFARKVA NTFKPHRLQA RKAMWRKEQD TRALREQSQH LDGERMQAAA300
 LNAAYSAYLQ SYLSYQAQME QLQVAFGSHM SFGTGAPYGV RMPFGGQGPL GAPPPFPTWP360
 GCPQPPPLHA WQAGTPPPPS PQPAAFPQSL PFPQSPAFTT ASPAPPQSPG LQPLIIHHAQ420
 MVQLGLNNHM WNQRGSQAPE DKTQEAE 447

15 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 619

(A) LÄNGE: 205 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 20 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 619:

ADAGGGTERS LLSLPPELLV LPGTDGAAPG GFWEPHVIWD WGALWGQNAL WPGGAPGSPA 60
 TLSHLAGVPA AATPARMAGW HPPTALPTAS SLSTVTALPA VPSLPYGLTR TPSEPRATP120
 35 HYPRTDGTGTA GAEQPHVEPE RVPARGQDA GGRMTACPL TWTGTPLDPG IGQDPIEHPG180
 LPCALWTVED EVICHFQDIV REPFI 205

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 620

(A) LÄNGE: 409 Aminosäuren
 40 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
 50 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 620:

KSRLSVTLMP VQLSEHPewn ESMHSLRISV GGLPVLASMT KAADPRFRPR WKVILTFEFG 60
 AAILWLLCSH RPAPGRPPTH NAHNWRLGQA PANWYNDTYP LSPPQRTFAG IRYRIAVIAD120
 5 LDTEPTAQDE NTRSDLKKG YLTLSDSGDK VAVEWDKDHG VLESLAEKG RGMELSDLIV180
 FNGKLYSVDD RTGVVYQIEG SKAVPWVILS DGDGTVEKGF KAEWLAVKDE RLYVGGGLGKE240
 WTTTTGDVVN ENPEWVKVVG YKGSVDHENW VSNYNALRAA AGIQPPANLI HESACWSDTL300
 QRWFFLPRRA SQERYSEKDD ERKGANLLLS ASPDFGDIIV SHVGAVVPTH GFSSFKFIPN360
 10 TDDQIIIVALK SEEDSGRVAS YIMAFITLDR FLLPETKIGS VKYEGIEFI 409

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 621

(A) LÄNGE: 249 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 621:

KLSPDGLAQC FRFELNELDA FVFHASDLGL RQOEAPVQRE GHDVGGDSAA VLLGFEGHND 60
 LVVGVGDELE GREAVSGDHR PDVAHSDVAE VRGGAQQQVG ALALVLLAV ALLAGAARQE120
 30 EPALQRVTPA GRIMDEVSWR LDAGSSPQGV VVGHPVLVVH AALVAHHLHP LRVLVHHITR180
 SGRPLLAQAA HVQTLVLHCQ PFGLEAFLHG AVAVGQNHFG HGFAAFDLVD DPRPVIHGVE240
 FPIENNVQVG 249

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 622

(A) LÄNGE: 255 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 622:

AAPVSLHDA AGDLRRDPGG GGGGGVPHGG GEGQEVVPAE PGVPAPQHAE PVAAAGAAQQ 60
 LQTEEQGLQ RLRLGPVRGA ARGGDARVRG PRGDRRVNPE SARALLPGDP QGPGTAAPRA120
 50 LGLPPRCEPV GAPLAALALA RERRERGRFP RPCKCLFFNS SQCELCCECV RGGAPALSRR180

RVATPCPCPM VCNSDFAHRS TVPPSAHPFT LTPTLSLNTF IIVRRGRWDF GRSAAATASG240
GLIFIFALRW LKAFT 255

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 623

- 5 (A) LÄNGE: 196 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 623:

20 INAFSHRNAK ININPPDAVA AALRPKSQRP RLTIKVFSE SVGVSVNGCA LGGTVERCAK 60
SELQTIGQGH GVATRRRLSA GAPPRTHSQQ SSHWEELKNK HLQGRGKRPR SRRSRARASA120
ARGAPTGSQR GGSPSARGAA VPGPCGSPGS RARALSGFTR RSPRGPRTRA SPPRAAPLTG180
PSRSRWSPGC SSVCS 196

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 624

- (A) LÄNGE: 242 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
30 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 624:

45 VESHRRATH TTVRSPETAR GWKPWPHRLS RYVHSPGRQP HGHGQHLFCF SGRRAFGGHP 60
RQGARASLLA LGLENSPGGS SPEERLGRLA VAGPPRGAQN VSQAGPEAEA PPLRFGHAWG120
AQTPRLGAPG PWTPLPTLPS HIPFFWSQTP AQRKEGFTEE GQRAWPQGG DEDISGPGSC180
RLWEEEPVCV CKLLGLAARP TAGPSLDPCT WPSSCPLAAP GLGTGIEPRG LGWLQGRDR240
EG 242

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 625

- 50 (A) LÄNGE: 216 Aminosäuren
(B) TYP: Protein

- (C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 625:

GLVMPGELRR PGLGPQAHGL PSPLCPPIFP LFGPRHQHKE RRGSRKARA EPGPREGMRT 60
FPVQVAAGCS GRKSHASVNC WGW RPAPLQG PALTPARGHP AALWLPLALA QASSLEGWAG120
WARAGTGRGS TSDPDVGWLC PPRREAQOTS YTKAKSTIGE PRSHFMGRRP RPQGPQSKAR180
GRFIPEDSFP GAAPAWGGVS RPLGCLSVCG TPWSTP 216

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 626

(A) LÄNGE: 299 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 626:

PGISVSVDKM ESSPFNRRQW TSLSLRVTAK ELSLVNKNKS SAIVEIFSKY QKAAEETNME 60
KKRSNTENLS QHFRKGTITV LKKKWENPGL GAESHTDSL R NSSTEIRHRA DHPPAEVTSH120
AASGAKADQE EQIHPRSLR SPPEALVQGR YPHIKDGEDL KDHSTESKKM ENCLGESRHE180
VEKSEISENT DASGKIEKYN VPLNRLKMMF EKGEPTQTKI LRAQSRASG RKISENSYSL240
DDLEIGPGQL SSSTFDSEKN ESRRNLELPR LSETSIKDRM AKYQAAVSKQ SSSPTIPMS 299

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 627

(A) LÄNGE: 94 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 627:

DSAPSPGFSH FFFNTVRVPF LKCWERFSVL LLFFSMFVSS AAFWYLENIS TIADDLELLT60
RESSLAVTLN DSEVHCRLN GDDSILSTDT EIPG 94

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 628

(A) LÄNGE: 765 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 628:

IRPVVQLTAI EILAWGLRNM KNFQMASITS PSLVVECGGE RVESVVIKNL KKTPNFPSSV 60
LFMKVFLPKE ELYMPPLVIK VIDHRQFGRK PVVGQCTIER LDRFRCDPYA GKEDIVPQLK120
30 ASLLSAPPCR DIVIEMEDTK PLLASKLTEK EEEIVDWWSK FDASSGEHEK CGQYIQKGY180
KLKIYNCELE NVAEFEGTLD FSDTFKLYRG KSDENEDPSV VGEFKGSFRI YPLPDDPSVP240
APPRQFRELP DSVPQECTVR IYIVRGLELQ PQDNNGLCDP YIKITLGKKV IEDRDHYIPN300
TLNPVFGRMY ELSCYLPQEK DLKISVYDYG TFTRDEKVG E TIIDLENRFL SRFGSHCGIP360
EEYCVSGVNT WRDQLRPTQL LQNVARFKGF PQPILSEDGS RIRYGGRDYS LDEFEANKIL420
35 HQHLGAPEER LALHILRTQG LVPEHVETRT LHSTFQPNIS QGKLQMWVDV FPKSLGPPGP480
PFNITPRKAK KYYL RVIIWN TKDVILDEKS ITGEEMSDIY VKGWIPGNEE NKQKTDVHYR540
SLDGEGNFNW RFVFPFDYLP AEQLCIVAKK EHFWSIDQTE FRIPPRLIQ IWDNDKFSLD600
DYLGFLELDL RHTIIPAKSP EKCRDLMIPD LKAMNPLKAK TASLFEQKSM KGWWPCYAEK660
40 DGARVMAGKV EMTLEILNEK EADERPAGKG RDEPNMNPCL DLPNRPETSF LWFTNPCKTM720
KFIWRRRFKW VIIGLLFLLI LLLFVAVLLY SLPNYLSMKI VKPNV 765

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 629

(A) LÄNGE: 289 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 629:

5

ETQVVIQRKL VIVPYLNDQP GWDSKFRNVN TPEMLFFRND TELFGWKVVK RENKSPVKIP 60
 FTIQRSVMDI CFLFVFFIAR NPAFDVDVTH FLSCDAFLVQ DNVLGVPDDH TQVFLGFPFG120
 CDVERRAWWP QTLGENIHPH LKFSLGNVGL EGAVQSPCFH VLRDQPLSPE DVKSKPLFRG180
 PEVLVQDFVG FKFIQAVVSS SISDSTPIFG KDGLWEAFES GDILKQLCWS QLISPGIDSR240
 10 NTVLLWYAAV GPKAGKESVF QINNCFSYFF IPGKGVIIID RNFQVFFLR 289

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 630

(A) LÄNGE: 824 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

15

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

25 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 630:

RVSVLAAASS ALPVAPREAG VTNWPAGCVP EVRSTGEKEV AKTLHRRSRP EWCGARDPPA 60
 30 MLLFVLTCLL AVFPAISTKS PIFGPPEEVNS VEGNSVSITC YYPPTSVNRH TRKYWCRQGA120
 RGGCITLISS EGYVSSKYAG RANLTNFPEN GTFVFNIAQL SQDDSGRYKC GLGINSRGLS180
 FDVSLEVSQG PGLLNDTKVY TVDLGRTVTI NCPFKTENAQ KRKSLYKQIG LYPVLVIDSS240
 GYVNPNTYGR IRLDIQGTGQ RLFSVVINQL RLSDAGQYLC QAGDSDNSNK KNADLQVLKP300
 EPELVYEDLR GSVTFHCALG PEVANVAKFL CRQSSGENCD VVVNTLGKRA PAFEGRILLN360
 35 PQDKDGSFSV VITGLRKEDA GRYLCGAHSD GQLQEGSPIQ AWQLFVNEES TIPRSPTVVK420
 GVAGGSVAVL CPYNRKESKS IKYWCLWEGA QNGRCPLLVD SEGWVKAQYE GRLSLLEEPG480
 NGTFTVILNQ LTSRDAGFYW CLTNGDTLWR TTVEIKIIEG EPNLKVPGNV TAVLGETLVK540
 PCHFPCKFSS YEKYWCWNN TGCQALPSQD EGPSKAFVNC DENSRLVSLT LNLVTRADEG600
 WYWCQVKQGH FYGETAAVYV AVEERKAAGS RDVSLAKADA APDEKVLDSG FREIENKAIQ660
 40 DPRLFAEEKA VADTRDQADG SRASVDSGSS EEQGGSSRAL VSTLVPLGLV LAVGAVAVGV720
 ARARHRKNVD RVSIRSYRTD ISMSDFNSR EFGANDNMGA SSITQETSLG GKEEFVATTE780
 STTETKEPKK AKRSSKEEAE MAYKDFLLQS STVAAEAQDG PQEA 824

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 631

45

(A) LÄNGE: 267 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 631:

ADIA GPRCLP LFNCHIDGCS LSIEVALLHS TPVPALISPG HQVQGQGDGP AVLTVVHEGL 60
AGAFVLAGQG LAARVIPLAP VFLVRGEFAW KVTGDLESLS QHSRDIPWYL EVWFSFDNLD120
10 LHGGPPESIA VGQTPVEAGV PAGELVEDDS EGAVAWLLQQ GEALVLGLN PPLAVHQQA180
AAILGPFPEP PVLDAFAFLT VVGAEHGHRA SCHPLHHS GA AGNRGLLIDE ELPGLDRAAF240
LQLTIRMGST QVAPCILLPQ ACDHHTE 267

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 632

15 (A) LÄNGE: 140 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF
(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 632:

30 GETRVHSQQG GGIKAPSWDW FFREPGPLVK GLLGHVKQYL EQPRPWGYQV ERREGRRRLPC 60
THLPWWAGFS LLGSTLPSPV HDTDPRASPC PRPSYRLLFQ DITDNPERME KGGAWVPAVS120
GQKEVACGNL RSPHPRFPKR 140

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 633

35 (A) LÄNGE: 127 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF
(iii) HYPOTHETISCH: ja

45 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 633:

VFPCHLVGAG PTPATTSGTA KGSTRCDYPG PCWQLRIPGT CSDPVSGSSE SQEPRMRALC 60

SPSSKTQGSP PRKGAHVPR GWLPGCYLFY PTSAAESQGE TASHPKPLGF SREKNLSQKH120
DLFSGCK 127

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 634

- 5 (A) LÄNGE: 140 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 634:

20 HHQKHMQKG SYWASGLLSP WLGRKGREDG WGSLEFGIDDV HEFGLEGSTT HKEAIHIRLA 60
GQLLAGCPSH RASINDTGAL SHRIRDVGLQ PSSELLVYFL GLLGCCSLAS TNGPHRLIGQ120
DDLAPVLHVI CDDLLVWWE 140

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 635

- 25 (A) LÄNGE: 101 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 35 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 635:

KVIADNVKDW SKVVLAYEPV WAIGTGKTAT PQQAQEVHEK LRGWLKSNVS DAVAQSTRII 60
YGGSVTGATC KELASQPDVD GFLVGGASLK PEFVDIINAK Q 101

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 636

- 45 (A) LÄNGE: 329 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 636:

DSIFPLWAVL ALSPPGIRVR MKKSSVSGMT AAGWVWGEA EGKAALRLGV EFLEWGGGR 60
VFNLEKSQPA RAERECERGS SEGARNVGG SGRSVAVAL VHQHGVRLLG DLQQRVHVGA120
APAPQVAGLP PLRAALVVVG AHLHHLGGL HFHLALADLL DVEGEGWHLV DRGLGARVHH180
15 VVGREGFAQL VPRRLQFLAP LGGHQARAQL VHALQGVPR LLQVFLGLEA RLLQVLAGTH240
LGLLHLLGE GLEVVHAPQ ALRLIRSARD SSITSSTSTA SDESSSAAA SSSGRSPSPS300
SSPSFSGSAS DSFSDLMLS LAGSFTSSW 329

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 637

20 (A) LÄNGE: 362 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 637:

35

GRLPGYPD RR GPGASSAGAQ AAEEPSGAGS EELIKSDQVN GVLVLSLLDK IIGAVDQIQL 60
TQAQLEERQA EMGAVQSIQ GELSKLGKAH ATTSNTVSKL LEKVRKVSVN VKTVRGSLE120
QAGQIKKLEV NEAELLRRRN FKVMYQDEV KLPKLSISK SLKESEALPE KEGEELGE180
RPEEDAAALE LSSDEAVEVE EVIEESRAER IKRRACGAWT TSRRPSPRRR WRRPRCVPAR240
40 TWRRRASRPR KTWRRGTPW RSA 263

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 638

45 (A) LÄNGE: 205 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 638:

```

SGDLRLLLVDT SKVQEAHVPS QDTHHTQELL AVQGSLSVSGY RGGGFGAAP VHEDPHLLGP 60
ASRGAPETAA FFFFFFFF EQHLRVGLLL LPPRLSPRPG PAWPVNPVG WPGHLHQGGQ 120
LLAGTNKPFH LAMVVVFSMD RGPETRAGR REHTSLGVT SLXTPQQLXG PRXXFPXAVQ 180
10 ASPXPGVCSL AWVELCHIXD KQXGG 205

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 639

15 (A) LÄNGE: 171 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

25 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 639:

```

PVTPRDXPGA GGSXEGPMQ HPGQSRPXPL AXPAPXWLM APCGALTCWA RLXLGLSAPX 60
30 LLIXDVTELD PSQAAHSWTW ASLHCXGKXX PRAXKLLRGX EAGAHPQASV FSAPPCPRFR120
ASVHREHHH GQVEGFISPC QQLSSLVQVA WPAHWIGDGP GWARSGAQSG R 171

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 640

35 (A) LÄNGE: 161 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

45 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 640:

```

ISRNQGLVLR GPKSPRSLR SHSEPPALVL WRDHRLVPGT DYCKDTALVP TEKNTGQGEH 60
50 TFSQYLATPH SELTITHGKW VHSSLWSDPA GLGRQEQHSS SSLSPRQRES LNCKRSGAYT120
VREKEKGRK GFSRPPRDA HREGGKEREK SVLESEATLS K 161

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 641

- 5 (A) LÄNGE: 127 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

15 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 641:

20 CAYRTEKWKS HTVPCSPEVK LVLTLALRAF SSMEPLGLGR KARVSAHRHT SYLQDIDCLC 60
RGSTGQPTAN TAASLVASL LPVHPGDYSW INLPKNSAFI MSLFCSTQN GSLPPRGRPS120
HHCIPNR 127

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 642

- 25 (A) LÄNGE: 136 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

35 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 642:

40 WGXGRVRVXG WXRKPMKXGI PPEXHGPITA DGHRLXXLP PXGXRCXXAD PKGXGLXALF 60
XKXPPXEXCL LSXXPXXPVT HRAGMEFNGX FWXXTLVHGQ TSLXGYXTR LKXKIVCCHS120
SGXWSVCG LH RFHRNQ 136

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 643

- 45 (A) LÄNGE: 132 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 643:

10

GRXSRWGLG CPSLLSPISL RLPVPPRPP NLRPPATPGA PTXPXQNTAX LKXLLLELSXX 60
LSGLGLMGXR AGTCTWVAXE AHEDXDTPRV PWTXYXRWSS XPXAIATXGX SLXXGRPQRE120
XPXRVVXKXT TX 132

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 644

15

(A) LÄNGE: 131 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 644:

GVETTANSST SLRSTTLEKE VPVIFIHPLN TGLFRIKIQG ATGKFNMVIP LVDGMIVSRR 60
ALGFLVRQTV INICRRKRLE SDSYSPMSA GNRKSPTLST STGTSSWSQS FILHFSRRLD120
SRTAVLRPLN F 131

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 645

(A) LÄNGE: 86 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 645:

LTNMSDHLFG WLLLEMAVVM FSGLCQPTDP CQVLEILLLP RCFYFSAGIKL LXVARPRTSK60
DSCYSATVYT AHLSSYSHVLS SLVRLF 86

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 646

5

- (A) LÄNGE: 96 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 646:

KAPNPSVLHT VRMQLIADRC CELYICKRCF TTSAGFITAS WSRVAILPAI PAKQTPENYP60
LRSGVLRKFL EPKIRRNPGI SFLRSKMYQ LRPGEH 96

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 647

25

- (A) LÄNGE: 92 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 647:

SSACRCTTRS TGQQAASGR CGGPRGWGPS TGATPRQLTM NIPFQSIHFI TYEFLQEQVN60
PHRTYNPQSH IISGGLAGAL AAAARGPLDV LR 92

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 648

45

- (A) LÄNGE: 280 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 648:

AVGSAALFKD GGGGTSAAEA GAAGQRLRSV NCLAYDEAIM AQQDRIQQEI AVQNPLVSR 60
LELSVLYKEY AEDDNIYQQK IKDLHKKYSY IRKTRPDGNC FYRAFGFSL EALLDDSKEL120
QRFKAVSAKS KEDLVSQGFT EFTIEDFHNT FMDLIEQVEK QTSVADLLAS FNDQSTSDYL180
15 VVYLRLLTSG YLQRESKFFE HFIEGGRTVK EFCQQEVEPM CKESDHIHII ALAQALSVSI240
QVEYMDRGE GGTNPFIPE GSEPKVYLLY RPHYDILYK 280

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 649

20 (A) LÄNGE: 244 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 649:

35 DHLQPQKNLC TCLAPGRGGQ QGSSGLEPAL FVEDIVVSRP VEKVDLGLGA LREDVRIGGA 60
ALAAVHVLHL DGHAEGLGQR NDVDVVALLA HGLHLLLAEL LDSPSTLDEV LEELALALQV120
ARGEQPQVDH KVVGGALVIE GGQQVGDRL LLHLLNQVHE RVVEILNCEF SEALGHQVFL180
ALGRHSLEPL QLLAVIQQCL QVGESESPIE TVAVRPGLAD VRVLFVEVLD LLLIDVVIFS240
40 ILLV 244

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 650

45 (A) LÄNGE: 424 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 650:

5

10

LTTTCVSSSA PSKTS LIMNP HASTNGQLSV HTPKRESLSH EEHPHSHPLY GHGVCKWPGC 60
 EAVCEDFQSF LKHLNSEHAL DDRSTAQCRV QMQVVQLEL QLAKDKERLQ AMMTHLHVKS120
 TEPKAAPQPL NLVSSVTLSK SASEASPQSL PHTPTTPTAP LTPVTQGPSV ITTSMHTVG180
 PIRRRYSKY NPISSADIA QNQEFYKNAE VRPPFTYASL IRQAILESPE KQLTLNEIYN240
 WFTRMFAYFR RNAATWKNV RHNLSLHKCF VRVENVKGAV WTVDEVEFQK RRPQKISGNP300
 SLIKNMQSSH AYCTPLNAAL QASMAENSIP LYTTASMGNP TLGNLASAIR EELNGAMEHT360
 NSNESDSSPG RSPMQAVHPV HVKEEPLDPE EAEGPLSLVT TANHSPDFDH DRDYEDPVDN420
 EDME 424

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 651

15

- (A) LÄNGE: 117 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 651:

STNAGCTAVR ATACKRQRAP ASHDDPPACE VYRTQSRPSA LESGIKCHSL QVRIGGFSTE 60
 LTSYSNDPNR PPDSRHRPL CHNHQHAHG GTHPQAVLRQ IQRAHEVSRV CAEPRIL 117

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 652

35

- (A) LÄNGE: 426 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 652:

PEAGLFSCSE QSDFPEHIFI MIHTNLKKKF SCCVLVFLLF AVICVWKEKK KGSYYDSFKL 60

QTKEFQVLKS LGKLAGSDS QSVSSSTQD PHRGRQTLGS LRGLAKAKPE ASFQVWNKDS120
 SSKNLIPRLQ KIWKNYLSMN KYKVSYKGGP GGIKFSAEAL RCHLRDHVNV SMVEVTDFPF180
 NTSEWEGYLP KESIRTKAGP WGRCAVVSSA GSLKSSQLGR EIDDHDAVLR FNGAPTANFQ240
 QDVGTKTTIR LMNSQLVTE KRFLKDSLYN EGILIVWDPS VYHSDIPKWH QNPDYNFFNN300
 5 YKTYRKLHPN QPFYILKPQM PWELWDILQE ISPEEIQPNP PSSGMLGIII MMTLCDQVDI360
 YESLPSKRKT DVCYYYQKFF DSACTMGAYH PLYEKNLVK HLNQGTDEDI YLLGKATLPG420
 FRTIHC 426

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 653

10 (A) LÄNGE: 139 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20 (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 653:

25 RCVQGSFVL SRKTSLLAN PPGAAGPSGP QELALLSMGG KVVWVCRPRP IFLRMKTHL 60
 CWFVMTCAAG FGDAEVCRSI SGGLDAVLFP SLWCWLCGLC GTFCLARCT LGRGGCGCSA120
 RSVAAARSAP TPVGIGSLC 139

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 654

30 (A) LÄNGE: 243 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF
 (iii) HYPOTHETISCH: ja

40 (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 654:

45 WRQLARGWGA LSRASCPALP RLANNTVRMA KGDPKKPKGK MSAYAFFVQT CREEHKKKNP 60
 EVPVNFAEFS KKCSEWRKTM SGKEKSKFDE MAKADKVRD REMKDYGPAK GGKKKKDPNA120
 PKRPPSGFFL FCSEFRPKIK STNPGISIGD VAKKLGMWN NLNDSEKQPY ITKTAKLKEK180
 50 YEKDVADYKS KGKFDGAKGP AKVARKKVEE EDEEDGGGGG GGGGGTYSRV GWWSSPKEGE240
 RRN 243

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 655

- (A) LÄNGE: 110 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 655:

TEQEESSRRWP FGSIRILLLL ASLSWSIILH FPIIAHFICL CHFIFRFLF PGHRLPPLRA 60
LLGKFRKIDR DLWVFLLMFF SACLHKEGIS GHLALWFLGV TFSHPDCIVR 110

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 656

- (A) LÄNGE: 356 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 656:

VGCSHAAQLH SAPELQTTRQ ELSHALYQHD AACRVIARLT KEVTAAREAL ATLKPQAGLI 60
VPQAVPSSQP SVVGAGEPMD LGELVGMTPE IIQKLQDKAT VLTERKKRG KTVPEELVKP120
EELSKYRQVA SHVGLHSASI PGILALDLCP SDTNKILTGG ADKNVVVFDK SSEQILATLK180
GHTKKVTSV FHP SQDLVFS ASPDATIRIW SVPNASCVQV VRAHESAVTG LSLHATGDYL240
LSSDDQYWA FSDIQTGRVL TKVTDETS GC SLTCAQFHPD GLIFGTGTMD S QIKI WDLKE300
RTNVANFPGH SGPITSIAFS ENGYLATAA DDSSVKLWDL RKLRTLRLCS WITTLR 356

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 657

- (A) LÄNGE: 240 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 657:

LAQIPELDRG VISRCSQVVT ILREGDASDG ARVAREVGH I STFLQVPDLD LRVHGSCSKD 60
ESVRVELCTG ERAAGGLICH LGEHTPCLDV RESPVLIIGG AQEIVASGMK AEACHSTLMG120
PNHLYTRGIG DRPNPDSGIG GSRKHQVLGR VKHHAGDLLG MAFEGSQDLF RTFVKHNDIF180
IRPTSEDLVG VGRAEVQGD PRNAGTVQPH VGCHLPVFAE LFWLHQLLRH SLPSLLALRG240

15 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 658

(A) LÄNGE: 162 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
20 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 658:

EHNSKSSFIN IKRAYLAKDT QIKESLWLRT QGREVPGLCP CWARRRLGTK WEKCWEGLSG 60
RGHKSSGGQH CRQVMGGTHG DLAANSCCGG VSLVLPPGGP LLGSWRGPTK GHRTGSPGWL120
35 VQLGMKAREK RVLCSGRIGP DAEAEALPVT CGRSALSLPG TL 162

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 659

(A) LÄNGE: 148 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
40 (C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

50 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 659:

5 RLWTAFHGLR AGDEATRRPG LPEHLHGPAV SHRGDQORDP AYLCWQQRH GAPEERYHPC 60
PGPSQRPVGR DRAERPHVTG SASASASGPI RPLQSTRFSL AFIP SCTNHP GLPVLCPLVG120
PLQEPRSGPP GGSTKDTTPQ QELAARSP 148

Patentansprüche

- 5 1. Eine Nukleinsäure-Sequenz, die ein Genprodukt oder ein Teil davon kodiert, umfassend
- a) eine Nukleinsäure-Sequenz, ausgewählt aus der Gruppe Seq. ID No 1-88, 90-96, 98-120, 123-140, 142-144, 597-617.
- 10 b) eine allelische Variation der unter a) genannten Nukleinsäure-Sequenzen oder
- 15 c) eine Nukleinsäure-Sequenz, die komplementär zu den unter a) oder b) genannten Nukleinsäure-Sequenzen ist.
- 20 2. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß einer der Sequenzen Seq. ID No 1-157, 597-617, oder eine komplementäre oder allelische Variante davon.
- 25 3. Nukleinsäure-Sequenz Seq. ID No 1-157, 597-617, dadurch gekennzeichnet, daß sie in Pankreastumorgewebe erhöht exprimiert sind.
- 30 4. BAC, PAC und Cosmid-Klone, enthaltend funktionelle Gene und ihre chromosomale Lokalisation, entsprechend den Sequenzen Seq. ID No 1-157, 597-617, zur Verwendung als Vehikel zum Gentransfer.
- 35 5. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 4, dadurch gekennzeichnet, daß sie eine 90% ige Homologie zu einer humanen Nukleinsäure-Sequenz aufweist.
- 40 6. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 4, dadurch gekennzeichnet, daß sie eine 95% ige Homologie zu einer humanen Nukleinsäure-Sequenz aufweist.
- 45 7. Eine Nukleinsäure-Sequenz, umfassend einen Teil der in den Ansprüchen 1 bis 6 genannten Nukleinsäure-Sequenzen, in solch einer ausreichenden Größe, daß sie mit den Sequenzen gemäß den Ansprüchen 1 bis 6 hybridisieren.
- 50 8. Ein Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, daß die Größe des Fragments eine Länge von mindestens 50 bis 4500 bp aufweist.

9. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, daß die Größe des Fragments eine Länge von mindestens 50 bis 4000 bp aufweist.
- 5
10. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß einem der Ansprüche 1 bis 9, die mindestens eine Teilsequenz eines biologisch aktiven Polypeptids kodiert.
- 10
11. Eine Expressionskassette, umfassend ein Nukleinsäure-Fragment oder eine Sequenz gemäß einem der Ansprüche 1 bis 9, zusammen mit mindestens einer Kontroll- oder regulatorischen Sequenz.
- 15
12. Eine Expressionskassette, umfassend ein Nukleinsäure-Fragment oder eine Sequenz gemäß Anspruch 11, worin die Kontroll- oder regulatorische Sequenz ein geeigneter Promotor ist.
- 20
13. Eine Expressionskassette gemäß einem der Ansprüche 11 und 12, dadurch gekennzeichnet, daß die auf der Kassette befindlichen DNA-Sequenzen ein Fusionsprotein kodieren, das ein bekanntes Protein und ein biologisch aktives Polypeptid-Fragment umfaßt.
- 25
14. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß den Ansprüchen 1 bis 10 zur Herstellung von Vollängen-Genen.
- 30
15. Ein DNA-Fragment, umfassend ein Gen, das aus der Verwendung gemäß Anspruch 14 erhältlich ist.
- 35
16. Wirtszelle, enthaltend als heterologen Teil ihrer exprimierbaren genetischen Information ein Nukleinsäure-Fragment gemäß einem der Ansprüche 1 bis 10.
- 40
17. Wirtszelle gemäß Anspruch 16, dadurch gekennzeichnet, daß es ein prokaryontisches oder eukaryontische Zellsystem ist.
- 45
18. Wirtszelle gemäß einem der Ansprüche 16 oder 17, dadurch gekennzeichnet, daß das prokaryontische Zellsystem E. coli und das eukaryontische Zellsystem ein tierisches, humanes oder Hefe-Zellsystem ist.
- 50
19. Ein Verfahren zur Herstellung eines Polypeptids oder eines Fragments, dadurch gekennzeichnet, daß die Wirtszellen gemäß den Ansprüchen 16 bis 18 kultiviert werden.

20. Ein Antikörper, der gegen ein Polypeptid oder ein Fragment gerichtet ist, welches von den Nukleinsäuren der Sequenzen Seq. ID No 1-157, 597-617 kodiert wird, das gemäß Anspruch 19 erhältlich ist.
- 5 21. Ein Antikörper gemäß Anspruch 20, dadurch gekennzeichnet, daß er monoklonal ist.
- 10 22. Ein Antikörper gemäß Anspruch 20 dadurch gekennzeichnet, daß er ein Phage-Display-Antikörper ist.
23. Polypeptid-Teilsequenzen, gemäß den Sequenzen Seq. ID No 158-596, 618-659.
- 15 24. Polypeptid-Teilsequenzen gemäß Anspruch 23, mit mindestens 80%iger Homologie zu diesen Sequenzen.
- 20 25. Ein aus einem Phage-Display hervorgegangenes Polypeptid, welches an die Polypeptid-Teilsequenzen gemäß Anspruch 23 binden kann.
- 25 26. Polypeptid-Teilsequenzen gemäß Anspruch 23, mit mindestens 90%iger Homologie zu diesen Sequenzen.
27. Verwendung der Polypeptid-Teilsequenzen gemäß den Sequenzen Seq. ID No 158-596, 618-659, als Tools zum Auffinden von Wirkstoffen gegen den Pankreastumor.
- 30 28. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß den Sequenzen Seq. ID No 1-157, 597-617 zur Expression von Polypeptiden, die als Tools zum Auffinden von Wirkstoffen gegen den Pankreastumor verwendet werden können.
- 35 29. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No 1-157, 597-617 in sense oder antisense Form.
- 40 30. Verwendung der Polypeptid-Teilsequenzen Seq. ID No 158-596, 618-659 als Arzneimittel in der Gentherapie zur Behandlung des Pankreastumors.
- 45 31. Verwendung der Polypeptid-Teilsequenzen Seq. ID No 158-596, 618-659, zur Herstellung eines Arzneimittels zur Behandlung gegen den Pankreastumor.
- 50 32. Arzneimittel, enthaltend mindestens eine Polypeptid-Teilsequenz Seq. ID No 158-596, 618-659.

- 5 33. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 10, dadurch gekennzeichnet, daß es eine genomische Sequenz ist.
34. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 10, dadurch gekennzeichnet, daß es eine mRNA-Sequenz ist.
- 10 35. Genomische Gene, ihre Promotoren, Enhancer, Silencer, Exonstruktur, Intronstruktur und deren Spleißvarianten, erhältlich aus den cDNAs der Sequenzen Seq. ID No 1-157, 597-617.
- 15 36. Verwendung der genomischen Gene gemäß Anspruch 33 zusammen mit geeigneten regulativen Elementen.
- 20 37. Verwendung gemäß Anspruch 36, dadurch gekennzeichnet, daß das regulative Element ein geeigneter Promotor und/ oder Enhancer ist.
- 25 38. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, daß die Größe des Fragments eine Länge von mindestens 300 bis 3500 bp aufweist.

Systematische Gen-Suche in der Incyte LifeSeq Datenbank

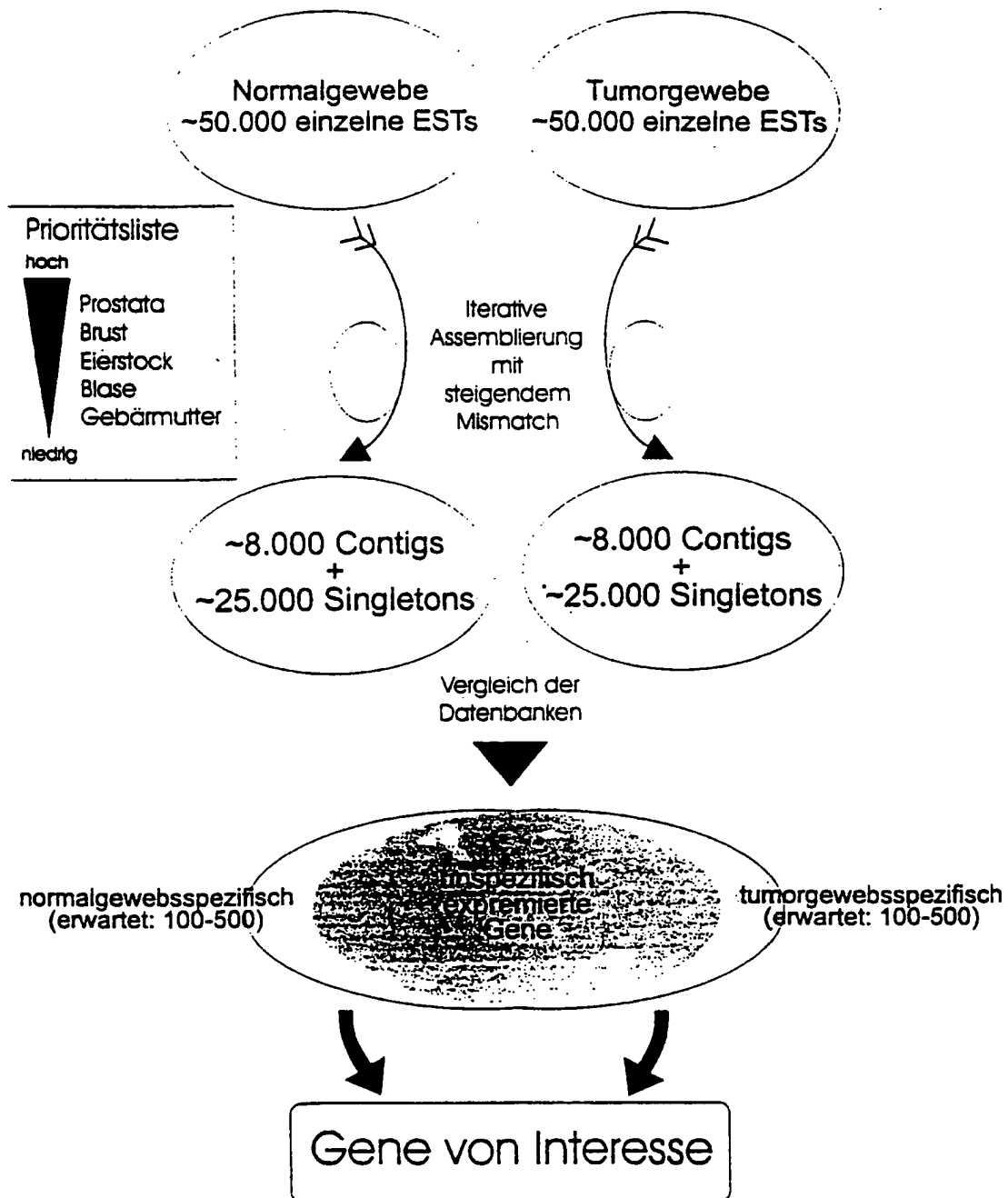


Fig. 1

Prinzip der EST-Assemblierung

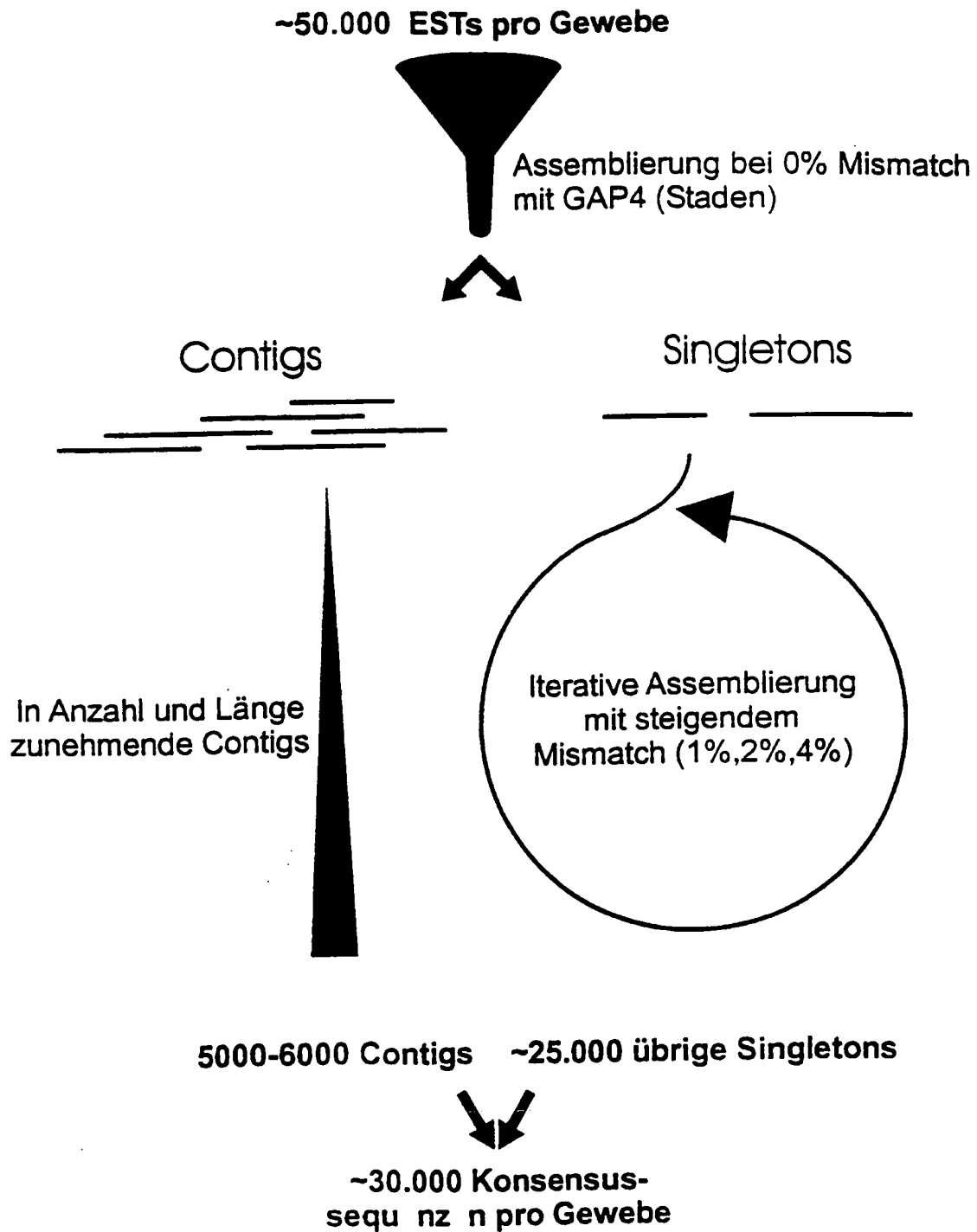


Fig. 2a

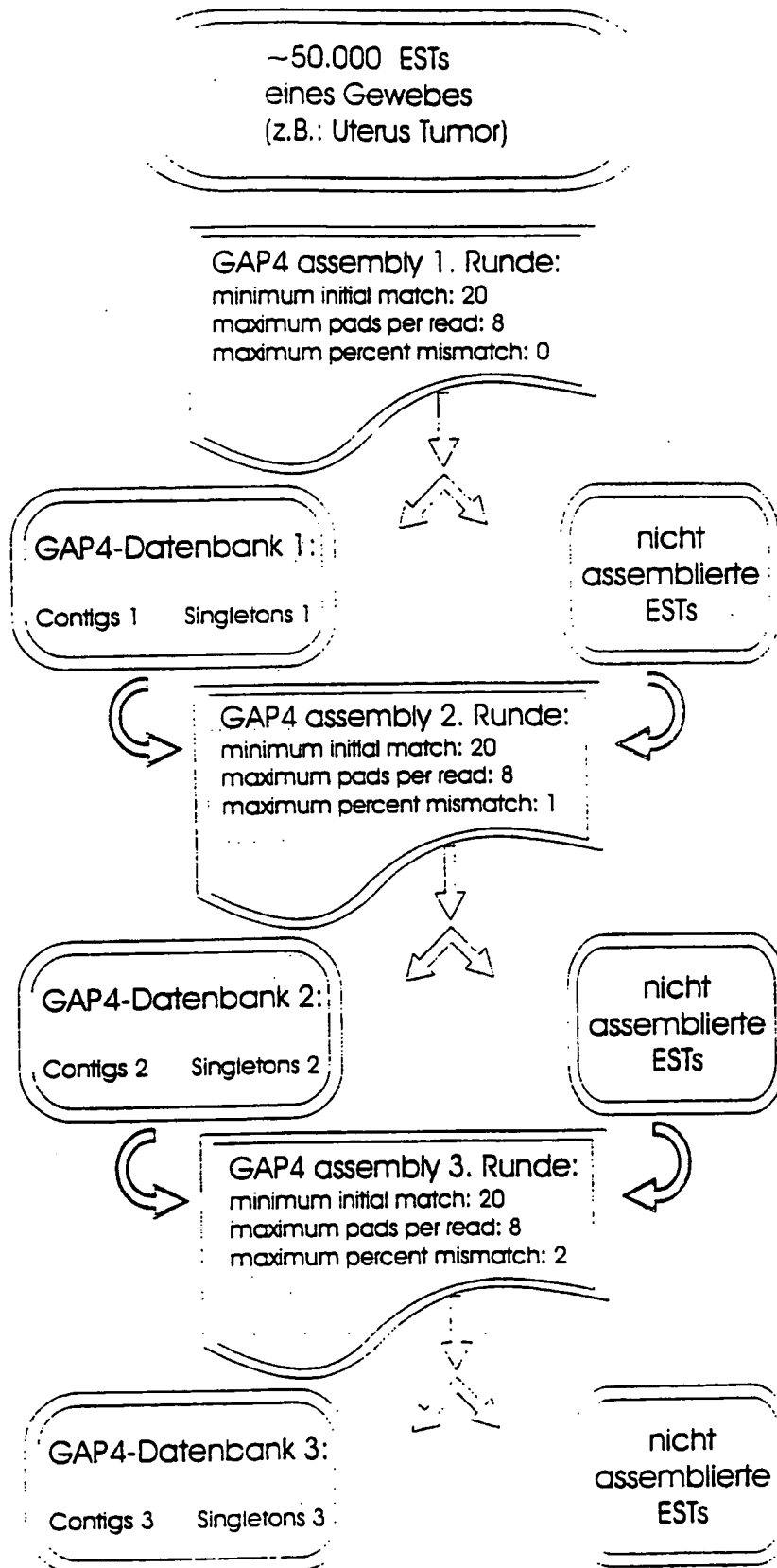


Fig. 2b1

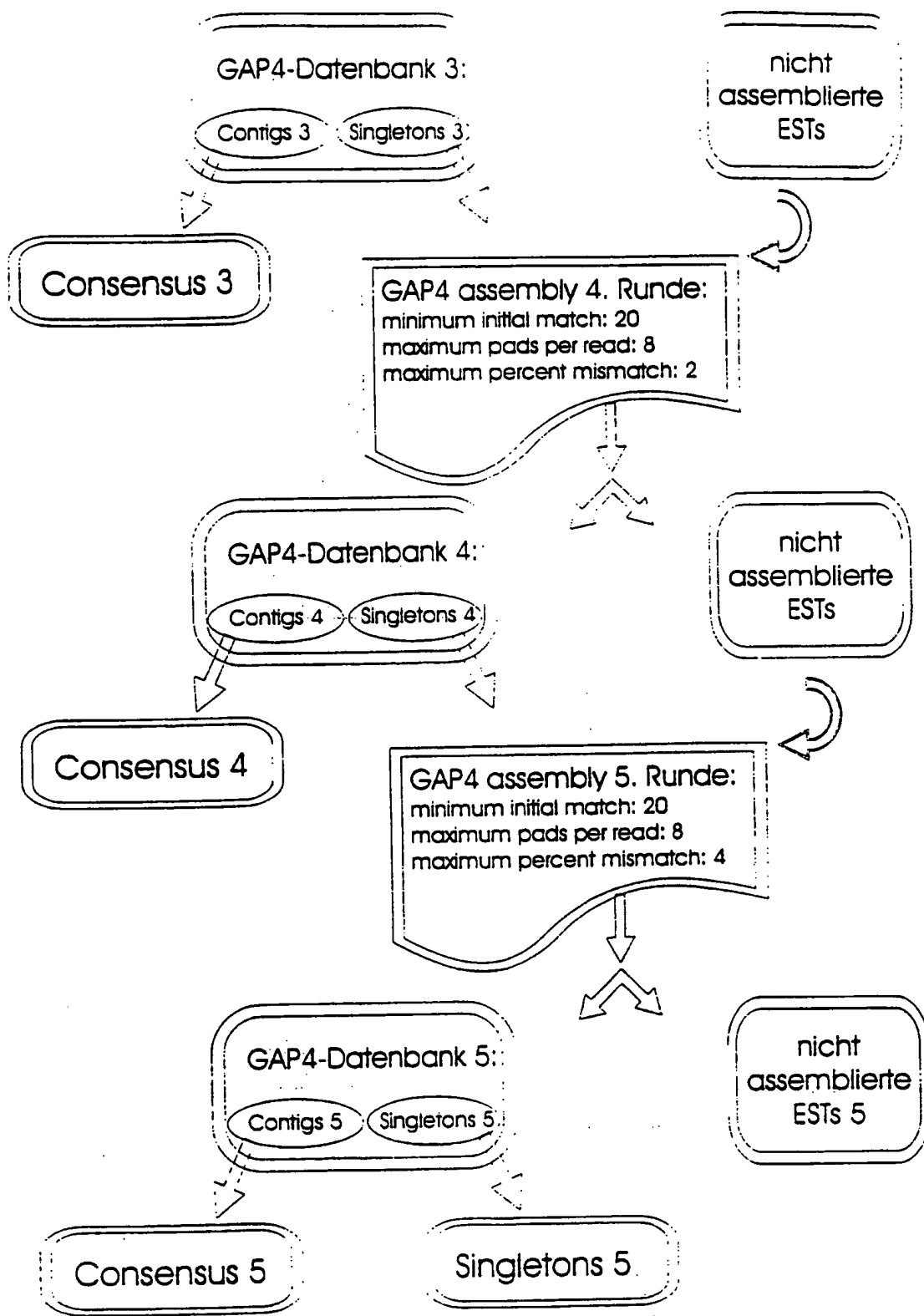


Fig. 2b2

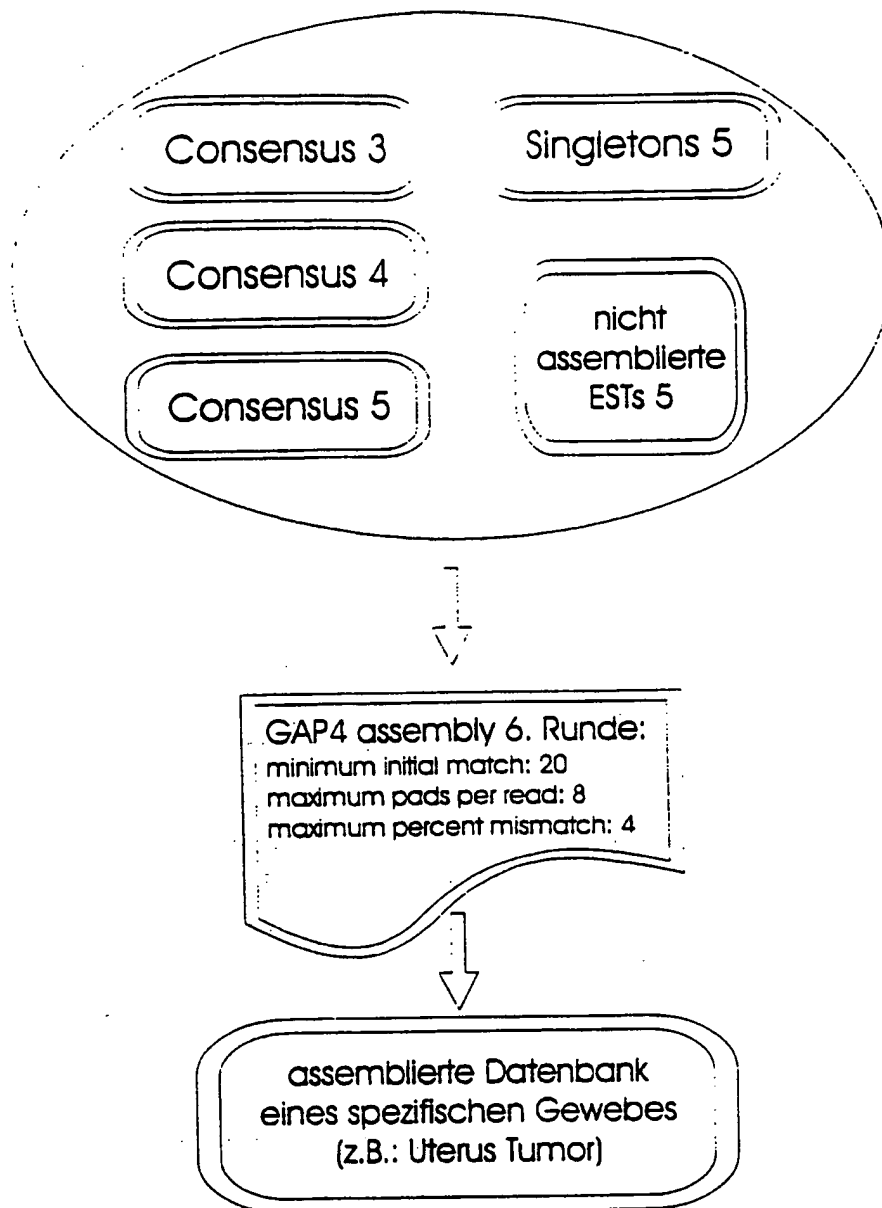


Fig. 2b3

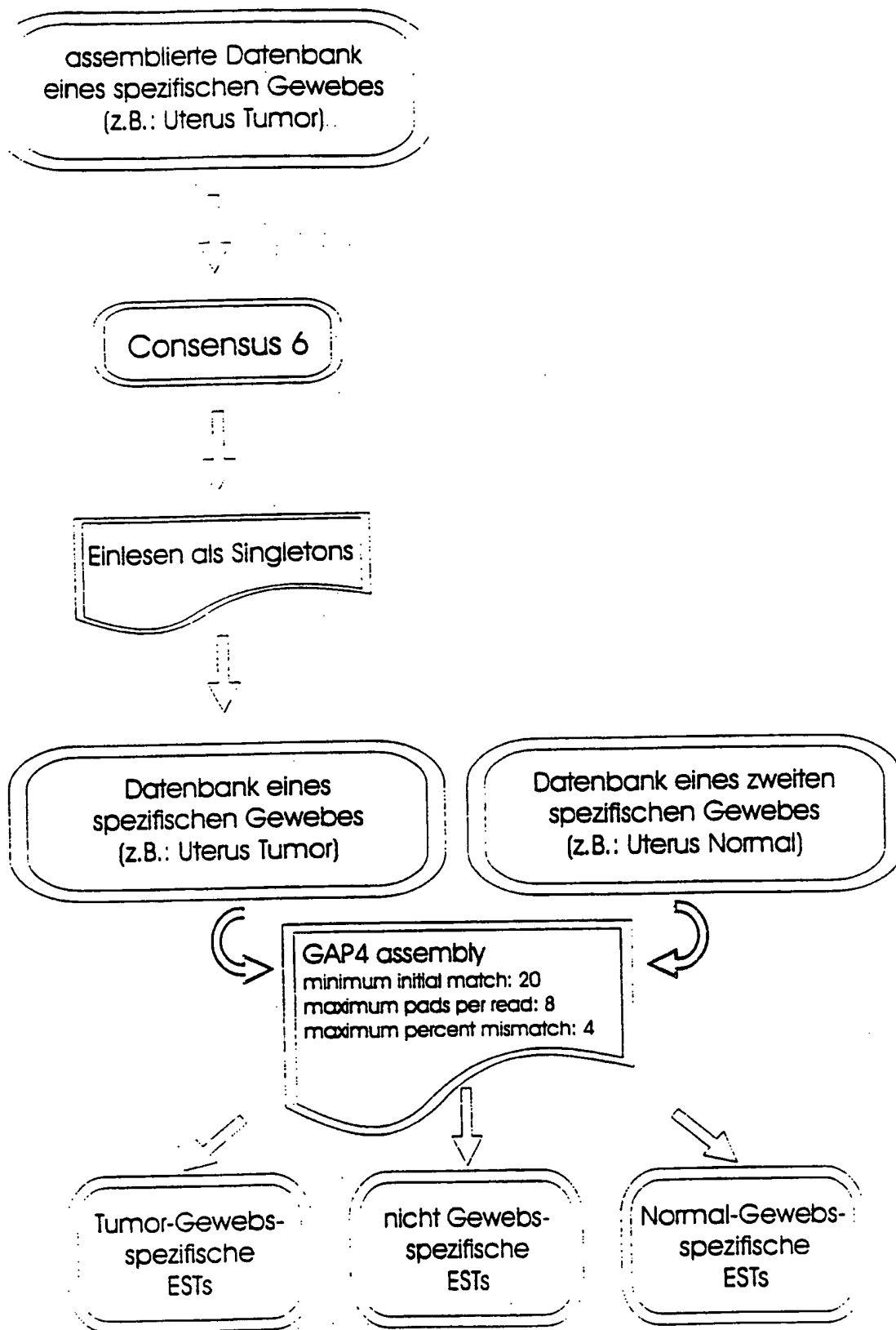


Fig. 2b4

In silico Subtraktion der Genexpression in verschiedenen Geweben

WO 99/55858

7 / 10

PCT/DE99/01258

~30.000 Konsensussequenzen
Normalgewebe

~30.000 Konsensussequenzen
Krebsgewebe

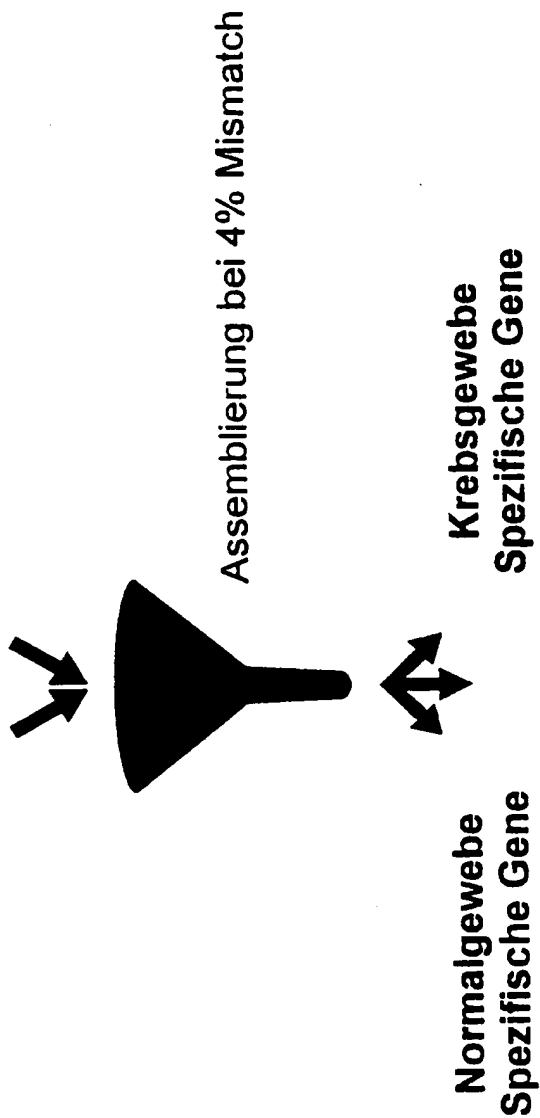


Fig. 3

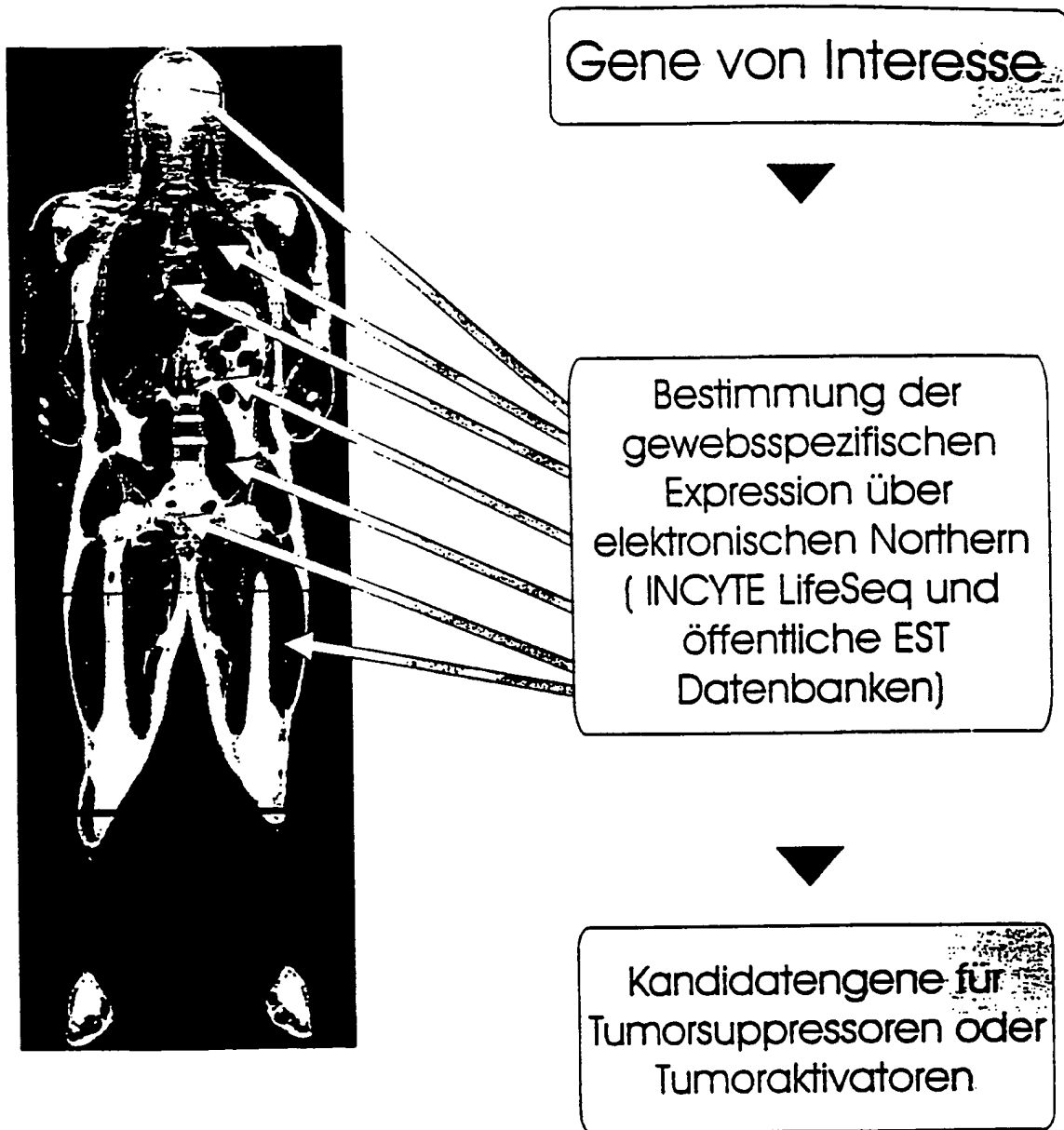


Fig. 4a

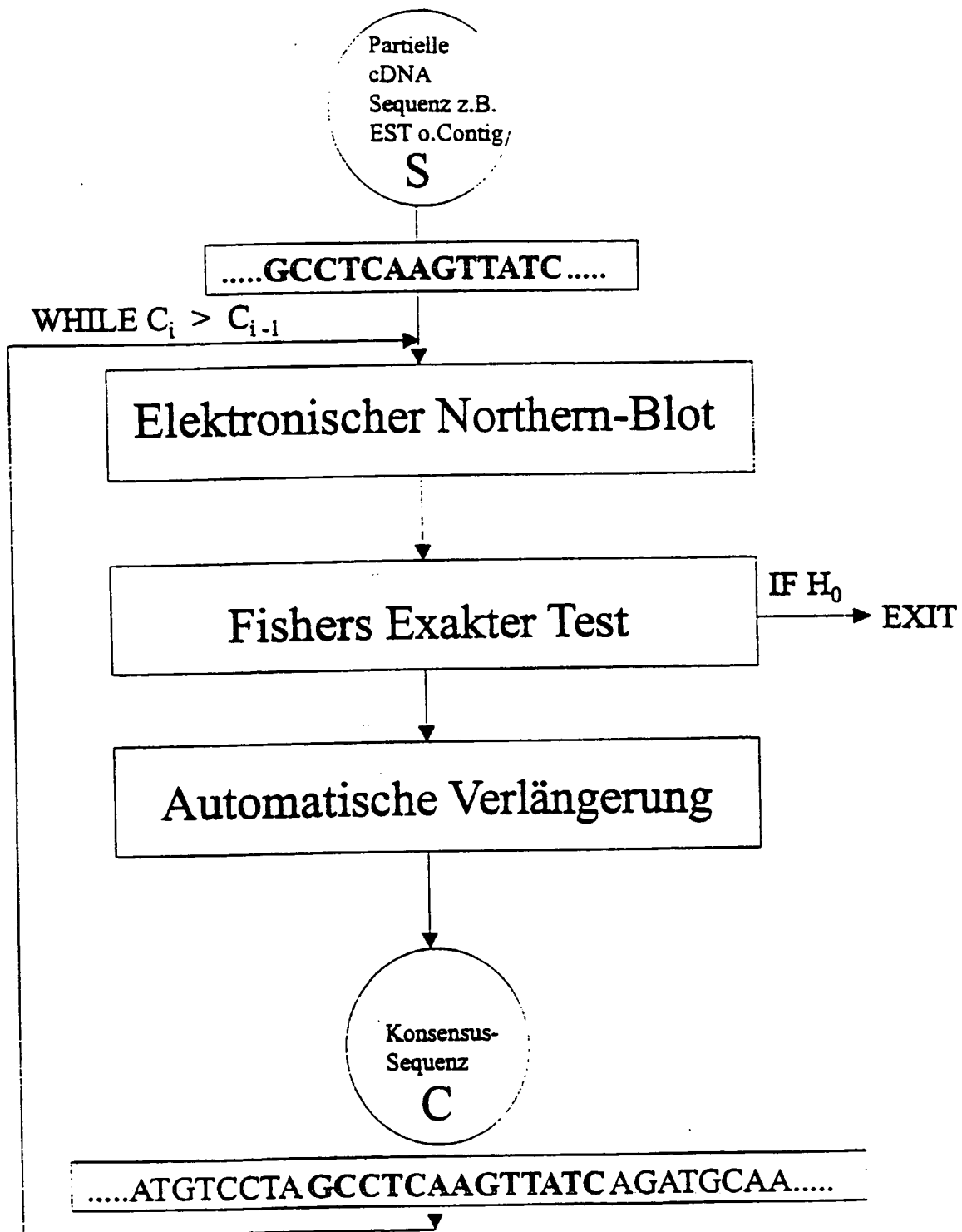


Fig. 4b

Isolieren von genomischen BAC und PAC Klonen



Chromosomale Klon-Lokalisation über FISH



Hybridisierungssignal



Sequenzierung von Klonen, die in Regionen lokalisiert sind, die chromosomale Deletionen in Prostata- und Brustkrebs aufweisen, führt zur Identifizierung von Kandidatengenen



Bestätigung der Kandidatengene durch Screening von Mutationen und/oder Deletionen in Krebsgeweben

Fig. 5